

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
13. November 2003 (13.11.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 03/093482 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C12N 15/82**,
C12P 7/64

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP03/04297

(22) Internationales Anmeldedatum:
25. April 2003 (25.04.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
102 19 203.0 29. April 2002 (29.04.2002) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von
US): **BASF PLANT SCIENCE GMBH** [DE/DE]; Carl-
Bosch-Str. 38, 67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **CIRPUS, Petra**

[DE/DE]; Landteilst.12, 68163 Mannheim (DE). **RENZ, Andreas** [DE/DE]; Heinrich-von-Kleist-Str.6, 67117 Limburgerhof (DE). **LERCHL, Jens** [DE/SE]; Önsjövägen 17, S-26831 Svalöv (SE). **KUIJPERS, Anne-Marie** [NL/DE]; Pappelstr. 31, 67166 Otterstadt (DE).

(74) Anwalt: **PRESSLER, Uwe**; c/o BASF Aktiengesellschaft, 67056 Ludwigshafen (DE).

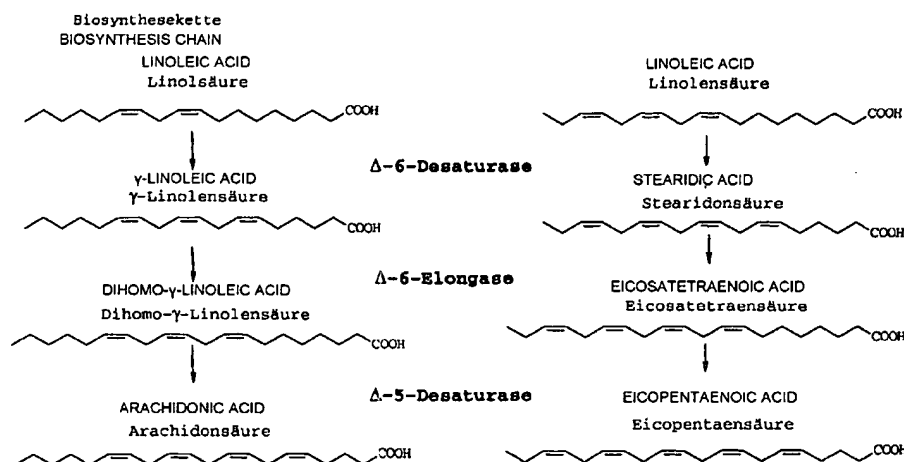
(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, BG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR PRODUCING MULTIPLE UNSATURATED FATTY ACIDS IN PLANTS

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG MEHRFACH UNGESÄTTIGTER FETTSÄUREN IN PFLANZEN



(57) Abstract: The invention relates to a method for producing fatty acid esters which contain unsaturated fatty acids with at least three double-bonds, and free unsaturated fatty acids having a content of at least 1 wt.-%, in relation to the total amount of fatty acids contained in plants, by expression of at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-desaturase activity, and at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-elongase activity. Advantageously, said nucleic acid sequences can be expressed, optionally, together with a third nucleic acid sequence in the transgenic plant, which codes for a polypeptide having D-5-desaturase activity. The invention also relates to the use of defined nucleic acid sequences which code for polypeptides having a D-6-desaturase activity, D-6-elongase activity or D-5-desaturase activity, selected from a group of nucleic acid sequences, or to the use of nucleic acid structures containing the above-mentioned nucleic acid sequences.

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

WO 03/093482 A2



DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

Veröffentlicht:

— *ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts*

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanze enthaltenen Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden. Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer D-6-Desaturaseaktivität, D-6-Elongaseaktivität oder D-5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen

5 Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureester, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ -5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

Bestimmte Produkte und Nebenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselprozesse in mikrobiellen Zellen oder in den Zellen von Tieren und vorteilhaft Pflanzen sind für ein breites Spektrum an Industrien, einschließlich der Futtermittel-, Nahrungsmittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie, nützlich. Zu diesen gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichneten Molekülen gehören auch Lipide und Fettsäuren, unter denen eine beispielhafte Klasse die mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind. Mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) werden beispielsweise Nahrungsmittel für Kinder zugegeben, um einen höheren Nährwert dieser Nahrungsmittel zu erzeugen. PUFAs haben zum Beispiel einen positiven Einfluss auf den Cholesterinspiegel im Blut von Menschen und eignen sich daher zum Schutz gegen Herzkrankheiten. Feinchemikalien wie mehrfach ungesättigte Fettsäuren (polyunsaturated fatty acids, PUFAs) lassen sich aus tierischen Quellen, wie beispielsweise Fisch, isolieren oder mit Mikroorganismen durch Züchtung von Mikroorganismen, die so entwickelt worden sind, dass sie große Mengen eines oder mehrerer gewünschter Moleküle produzieren und akkumulieren oder sezernieren, im großen Maßstab herstellen.

2

Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten

5 Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte Ω -3-Fettsäuren und Ω -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der

10 menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (=DHA, C22:6^{4,7,10,13,16,19}) oder Eisosapentaensäure (= EPA, C20:5^{4,8,11,14,17}) Babynahrung zur Erhöhung

15 des Nährwertes zugesetzt. Der DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder aus Öl-

20 produzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Sonnenblume, Algen wie Cryptocodinium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden

25 vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4^{4,5,8,11,14}), Dihomo- γ -linolensäure (C20:3^{4,8,11,14}) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5^{4,7,10,13,16,19}) lassen sich nicht aus Ölfruchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen

30 isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prä-

40 vention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser Ω -3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider

45 Arthritis lassen sich durch Ω -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung.

Ω -6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

- 5 Ω -3- und Ω -6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo- γ -linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosa-
- 10 noide (sog. PG₂-Serie), die aus Ω -6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG₃-Serie) aus Ω -3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.
- 15 Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in
- 20 WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ -9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine Δ -15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ -12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey
- 25 et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200-203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649-659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr
- 30 schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141-12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf Enzym-
- 35 aktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird. Δ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO98/46763 WO98/46764, WO9846765. Dabei wird auch die
- 40 Expression verschiedener Desaturasen wie in WO99/64616 oder WO98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen
- 45 Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an Δ -6-ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B. gamma-Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel

ein Gemisch aus ω 3 und ω 6 Fettsäuren erhalten, da alle bisher beschriebenen Δ -6-Desaturasen zum Beispiel Linolsäure (ω -6-Fettsäure) als auch α -Linolensäure (ω -3-Fettsäure) umsetzten.

- 5 Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie *Phaeodactylum tricornutum* oder *Cryptothecodinium*-Arten, Ciliaten, wie *Stylonychia* oder *Colpidium*, Pilze, wie *Mortierella*, *Entomophthora* oder *Mucor*. Durch Stammselektion
- 10 ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist
- 15 jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei
- 20 diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

- Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien geeigneterweise über die Produktion in Pflanzen, die so entwickelt sind,
- 25 dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen, im großen Maßstab durchgeführt werden. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen,
- 30 die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren.
- 35 Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten C_{18} -, C_{20} -Fettsäuren und C_{22} -Fettsäuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.
- 40

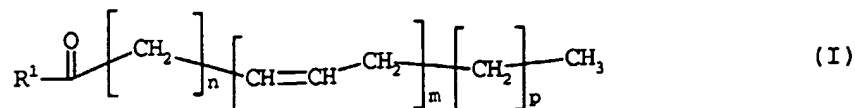
- Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden
- 45 beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch länger-

5

kettige mehrfach ungesättigte C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von
 5 mehrfach ungesättigten Fettsäureestern und/oder freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:

10



15

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

20

a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität codiert; sowie

25 b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Elongaseaktivität codiert; und

c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz,
 30 die für ein Polypeptid mit einer Δ-5-Desaturaseaktivität codiert;

d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

35 wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

R¹ = -OH, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-,
 40 Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II

45

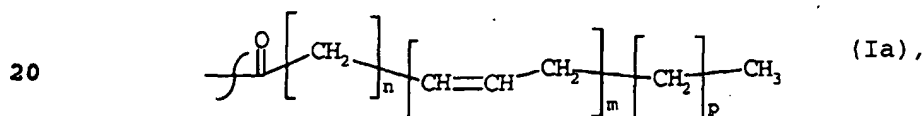


5

$\text{R}^2 = \text{H}$, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-,
 10 Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-,

$\text{R}^3 = \text{H}$, gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-, oder

15 R^2 und R^3 unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia



20

$n = 3, 4$ oder 6 , $m = 3, 4$ oder 5 und $p = 0$ oder 3 , bevorzugt
 25 bedeutet $n = 3$, $m = 4$ oder 5 und $p = 0$ oder 3 .

R^1 bezeichnet in den Verbindungen der Formel I -OH (Hydroxyl-), AcetylCoenzym A-, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II
 30



35

Die vorgenannten Reste für R^1 sind jeweils als Ester bzw. Thioester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.
 40

R^2 bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-, Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-.
 45

Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

R³ bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl.

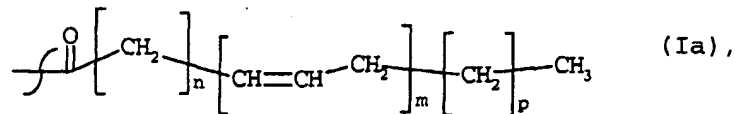
Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-,

n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

20

R² und R³ bezeichnen weiterhin in den Verbindungen der Formel II unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia

25



wobei n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3 bedeutet, bevorzugt bedeutet n = 3, m = 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

Die vorgenannten Reste R¹, R² und R³ können auch Substituenten wie Hydroxyl- oder Epoxigruppen tragen oder auch Dreifachbindungen

35 enthalten.

Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongase-aktivität codieren.

Die im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I enthalten vorteilhaft eine Mischung aus unterschiedlichen Resten R¹, R² oder R³, die sich von unterschiedlichen Glyceriden ableiten lassen. Weiterhin lassen sich die vorgenannten Reste von verschiedenen Fettsäuren wie kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder

langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren.

- Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester
- 5 (= Verbindungen der Formel I) mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von γ -Linolensäure (= GLA,
- 10 C₁₈:3^{Δ6,9,12}), Stearidonsäure (= SDA, C₁₈:4^{Δ6,9,12,15}), Dihomo- γ -Linolensäure (= DGLA, C₂₀:3^{Δ8,11,14}), Eicosatetraensäure (= ETA, C₂₀:4^{Δ5,8,11,14}), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.
- 15 Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren
- 20 mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäure-
- 25 ester und frei Fettsäuren) in der Pflanze in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.
- 30
- Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die Verbindungen der allgemeinen Formel I mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 2 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 3 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 5 Gew.-%, ganz
- 35 besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolensäure (C₁₈:2) bzw. Linolensäure (C₁₈:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie
- 40 beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in der Ausgangspflanze

10

- sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%, 5 ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren (siehe Verbindungen der allgemeinen Formel I) hergestellt. Werden beide 10 Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:2 (EPA:ARA), vorteilhaft von mindestens 1:3, bevorzugt von 1:4, besonders bevorzugt von 1:5 hergestellt.
- 15 Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Pflanzen wie Moose, Algen, zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für 20 die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Algen wie *Cryptocodinium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Sesam, 25 Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, 30 Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), 35 Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, 40 Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.
- Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Ver- 45 fahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedliche Verbindungen der Formel I hergestellt werden.

11

- Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen Verbindungen der allgemeinen Formel I oder einzelne Verbindungen wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Verbindungen der allgemeinen Formel I, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA enthaltende Verbindungen der Formel I oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA enthaltende Verbindungen der Formel I. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2^{Δ^{9,12}}) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α-Linolensäure (= ALA, C18:3^{Δ^{9,12,15}}) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese beteiligten Enzyme (Δ-5-, Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) bzw. durch Einbringen nur der ersten beiden Gene (Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen (siehe Figur I). Durch die Aktivität der Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase entstehen GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ-5-Desaturase zusätzlich in Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Pflanzen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.
- Im erfindungsgemäßen Verfahren werden sind unter transgenen Pflanzen auch Pflanzenzellen, -gewebe, -organe oder ganze Pflanzen zu verstehen, die zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I angezüchtet werden. Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung der transgenen Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze

12

auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

- Im erfindungsgemäßen Verfahren können prinzipiell alle
- 5 Nukleinsäuren verwendet werden, die für Polypeptide mit Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Nukleinsäuren aus Pflanzen wie Algen wie *Isochrysis* oder *Cryptothecodinium*, Diatomeen wie *Phaeodactylum*, Moose wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* oder höheren Pflanzen
- 10 wie den *Primulaceae* wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie *Caenorhabditis*, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft
- 15 stammen die Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongasegene aus Pilzen oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Pflanzen.

- Vorteilhaft wird im erfindungsgemäßen Verfahren eine Nukleinsäuresequenz ausgewählt aus der Gruppe den in SEQ ID NO: 1, 3, 5,
- 20 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination in Expressionskonstrukte cloniert, diese
- 25 Expressionskonstrukte sind in den Sequenzen SEQ ID NO: 33-37 wiedergegeben. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen eine optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten Verbindungen der allgemeinen Formel I.

- 30 Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle, die die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ -5- oder Δ -6-Desaturase und eine Δ -6-Elongase codieren, enthält, wobei eine Zelle mit den Nukleinsäuresequenz, einem Genkonstrukt oder
- 35 einem Vektor, welche die Expression der Δ -5-, Δ -6-Desaturase- oder Δ -6-Elongasenukleinsäure allein oder in Kombination herbeiführen, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Die so hergestellte
- 40 Zelle ist vorteilhaft eine Zelle einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

- Unter transger Pflanze im Sinne der Erfindung ist zu verstehen,
- 45 daß die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden.

13

Tansgen bedeutet aber auch, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder dass die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Pflanzen sind die Ölfruchtpflanzen.

10

Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten Verbindungen der Formel I enthalten, können direkt vermarktet werden ohne die synthetisierten Verbindungen zu isolieren. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane wie Blatt, Stiel, Wurzel, Knollen oder Samen oder die gesamte Pflanze zu verstehen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte Verbindungen der Formel I lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst die Pflanzenschleime und Trübstoffe. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss

wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs
5 C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, bei Kombination mit einer weiteren Elongasen und einer Δ -4 Desaturase fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids
10 oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

Eine erfindungsgemäße Ausführungsform sind Öle, Lipide oder Fett-
15 säuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

20 Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

Unter dem Begriff "Öl" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch
25 verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl oder Fett einen hohen Anteil an ungesättigter, unkonjugierter veresteter Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure, γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, α -Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure hat. Vorzugsweise ist der
30 Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in
35 die Methylestern durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangspflanze der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl
40 oder Fett schwanken.

Bei den im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I, die mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin,
45 Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

15

Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen der allgemeinen Formel I lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z.B. H_2SO_4 . Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in eine Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen samenspezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

Die Herstellung einer Triensäure mit C_{18} -Kohlenstoffkette mithilfe von Desaturasen konnte bisher gezeigt werden. In diesen literaturbekannten Verfahren wurde die Herstellung von γ -Linolensäure beansprucht. Bisher konnte jedoch niemand die Herstellung sehr langkettiger mehrfach ungesättigter Fettsäuren (mit C_{20} - und

längerer Kohlenstoffkette sowie von Triensäuren und höher ungesättigten Typen) allein durch modifizierte Pflanzen zeigen.

- Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen
- 5 die mehrfach ungesättigten C₁₈-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C₂₀-Fettsäuren, und nach zwei oder drei
- 10 Elongationsrunden zu C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevor-
- 15 zugt zu C₁₈- und/oder C₂₀-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z.B. eine solche in Δ -5-Position erfolgen.
- 20 Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Arachidonsäure und Eicosapentaensäure. Die C₁₈-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide,
- 25 Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

- Unter der Verwendung von Klonierungsvektoren in Pflanzen und bei der Pflanzentransformation, wie denjenigen, die veröffent-
- 30 licht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38;
- 35 B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)), lassen sich die Nukleinsäuren zur gentechnologischen Veränderung eines
- 40 breiten Spektrums an Pflanzen verwenden, so dass diese ein besserer oder effizienterer Produzent eines oder mehrerer von Lipiden hergeleiteter Produkte, wie PUFAs, wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion eines von Lipiden hergeleiteten Produktes, wie PUFAs, kann durch direkte
- 45 Wirkung der Manipulation oder eine indirekte Wirkung dieser Manipulation hervorgerufen werden.

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Desaturase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund
5 eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Desaturase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Desaturasen und Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen dieser Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur
10 Biosynthese vor dem Einbringen des entsprechenden Gens fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft
15 sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

Durch das Einbringen eines Desaturase- und/oder Elongase-Gens
20 oder mehrerer Desaturase- und Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöhen, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöhen oder de novo schaffen. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität
25 anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z.B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicher-
30 kompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Desaturasen und/oder
35 Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Pflanzen zu
40 steigern.

Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teilen von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teilen
45 davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 ist, so dass

18

das Protein oder der Teil davon eine Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen von Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 50 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Bevorzugt ist das Protein ein Volllängen-Protein, das im wesentlichen in Teilen homolog zu einer gesamten Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 (die von dem in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten offenen Leserahmen herrührt) ist. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Desaturasen und der Elongase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenzen mit SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Crypthecodinium* oder aus Nematoden wie *Ceanorhabditis*, speziell aus den Gattungen und Arten *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricormutum* oder *Ceanorhabditis elegans*.

19

Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Desaturasen oder Elongasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 hybridisieren, z.B. unter stringenteren Bedingungen hybridisieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

10

- Vorteilhafte Expressionskassetten werden in SEQ ID NO: 33 bis 37 wiedergegeben. Dabei werden die für die Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren.
- Die $\Delta 5$ -Desaturase-/ $\Delta 6$ -Desaturase und/oder $\Delta 6$ -Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine

Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

- 10 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

- Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 definiert sind und gem. SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 Polypeptide kodieren. Die genannten Desaturasen führen dabei eine Doppelbindung in Δ -5 oder Δ -6-Position ein, wobei das Substrat ein, zwei, drei oder vier Doppelbindungen aufweisen. Die Elongase (Δ -6-Elongase) besitzt eine Enzymaktivität, die eine Fettsäure um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

- Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacI^q-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, λ -P_R- oder λ -P_L-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren amy und SPO2, in den Hefe- oder Pilzpromotoren ADC1, MF α , AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH oder in den Pflanzenpromotoren CaMV/35S [Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294], PRP1 [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397-404 (Gatz et al., Tetra-cyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinäure-induzierbar)

21

oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der
 5 Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus Glycine max (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz
 10 besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der LeB4-, DC3, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und
 15 in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus Arabidopsis), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris), WO 91/13980 (Bce4-Promotor aus Brassica), von Bäumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233-239 (LeB4-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich
 20 diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen lpt-2- oder lpt-1-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

25

Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden,
 30 besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samenspezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind
 40 vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (Vicia faba) [Bäumlein et al., Mol. Gen Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (Arabidopsis thaliana) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin
 45 (Phaseolus vulgaris) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J., 2,2, 1992], Lpt2 und lpt1 (Gerste) [WO 95/15389 u. WO95/23230], Samen-

spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder β -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Δ -6-Desaturase, die Δ -5-Desaturase oder die Δ -6-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen führen können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal (siehe Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 33 bis 37). Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren

23

verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

- 5 Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1 Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

- Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet.

- Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit Elongasen und anderen Desaturasen in erfindungsgemäßen Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

- Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen

in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, 5 enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäure, die für Δ -5- oder Δ -6-Desaturen oder Δ -6-Elonagasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels. Wie hier verwendet, betrifft 10 der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler 15 Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle 20 in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressions- 25 vektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, 30 wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

35 Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in 40 einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten 45 Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotid-

25

sequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, Marine Biotechnology.1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturase-udocohnilembus, Euplotes, Engelmaniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-

- mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jené et al., Techniques for
- 5 Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel,
- 10 Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.
- 15 Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind
- 20 u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.
- 25 Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego,
- 30 Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Poly-
- 35 merase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.
- 40 Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III¹¹³-B1, λ gt11 or pBdCI,
- 45 in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

- Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYeDesaturasec1 (Baldari et al. (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: *More Gene Manipulations in Fungi* [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEpl6, YEpl3 oder pEMBLYe23.

- Alternativ können die Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

- Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: *Cloning Vectors* (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

- Bei einer weiteren Ausführungsform können des Verfahrens können die Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, *Marine Biotechnology* 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant

transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

5

Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, 10 erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-t-DNA stammen, wie das als Octopinsynthase bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber 15 auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette 20 vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

25

Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive 30 Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

35

Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Über- 40 sicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, 45 Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeit-spezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

10

Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alpha-amylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus *Vicia faba* (Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin-Promotor aus *Arabidopsis* (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus *Phaseolus vulgaris* (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus *Brassica* (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Desaturasen und/Elongasen allein oder in Kombination mit anderen Desaturasen oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils

mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

- Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

- Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Coprecipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

- Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Organismen, wie Bakterien, Pilze, Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölplume, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfrucht-

31

pflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Nuklein-
 5 säuresequenzen verwendet, die für die Polypeptide mit
 einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder
 Δ -5-Desaturaseaktivität codierenden, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1,
 10 SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9,
 SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17,
 SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25,
 SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten
 Sequenz,
 15
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten
 genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2,
 SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10,
 SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18,
 20 SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26,
 SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten
 Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5,
 25 SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13,
 SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21,
 SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29
 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die
 für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4,
 30 SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12,
 SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20,
 SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28,
 SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäure-
 sequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Amino-
 35 säureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der
 Polypeptide wesentlich reduziert ist.

Die oben genannte erfindungsgemäße Nukleinsäure stammt von
 Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen
 40 oder Dinoflagellaten, die PUFAs synthetisieren können.

Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst
 zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs
 gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200,
 45 besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des
 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt
 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts

- des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuremolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.
- 15 Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO:1 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299) und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 sowie der in Figur 5a gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8,

33

- 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß
- 5 Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise
- 10 weise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

- Homologe der verwendeten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13,
- 15 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 % oder 90 bis 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder
- 20 mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15,
- 25 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in
- 30 SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die
- 35 enzymatische Aktivität der Desaturase oder Elongase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch
- 40 SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 kodierten Protein.

- Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeuten beispielsweise auch bakterielle,
- 45 Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

34

Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotid-
 5 tausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar
 10 aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Desaturase- oder Elongaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport
 15 lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von Verbindungen der allgemeinen Formel I in transgenen Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein,
 20 Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futter-
 25 feldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwenden und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die
 30 dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Verbindung oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion
 35 und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosynthese-
 40 enzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

- Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, 5 umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle 10 zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) E. coli und Salmonella. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) Biology of 20 Procaryotes. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) Microbiological Reviews 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen).
- 25 Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C₁₈-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C₂₀ und C₂₂ verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der Δ -5- und Δ -6-Desaturase und der 30 Δ -6-Elongase können Arachidonsäure und Eicosapentaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise C₁₈ + C₂₀ Fettsäuren mit 35 mindestens zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C₂₀-Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der 40 Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C₂₀ zu C₂₂-Fettsäuren, zu Fettsäuren wie γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder 45 Eicosapentaensäure. Substrate im erfindungsgemäßen Verfahren sind zum Beispiel Linolsäure, γ -Linolensäure, α -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte

36

Substrate sind Linolsäure, γ -Linolensäure und/oder α -Linolensäure, dihomogamma-linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C₁₈-oder C₂₀-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im
5 erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester (siehe Formel I) beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei
10 Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder
15 andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch
20 Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

25 Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherylipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyl-
30 transferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäure-
35 modifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant
40 Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular
45 Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant

Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal.
13(1):1-16.

Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von
5 Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können
und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr aus-
reichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen
müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien,
synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure
10 nicht mehr synthetisieren..

Der Begriff "Desaturase oder Elongase" oder "Desaturase- oder
Elongase-Polypeptid" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die
an der Desaturierung und Elongierung von Fettsäuren teilnehmen,
15 sowie ihre Homologen, Derivaten oder Analoga. Die Begriffe
Desaturase oder Elongase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen
Nukleinsäuresequenzen, die eine Desaturase oder Elongase kodieren
und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls
entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein
20 können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind
im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des
Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer
bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen
gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff
25 Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung
einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange
die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer
Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/
Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die
30 Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt
(d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise
ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Er-
höhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge
der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle
35 dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen
festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Bio-
syntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese
einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung,
durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in
40 einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe
Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die
Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Ver-
bindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt,
kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem
45 Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoff-
wechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der
biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden.

38

Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

5

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls Proteine mit mindestens 50 %, vorteilhaft etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 10 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Die Homologie der Aminosäuresequenz kann über den gesamten Sequenzbereich mit 15 dem Programm PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5, 1989:151-153) oder BESTFIT oder GAP bestimmt (Henikoff, S. and Henikoff, J. G. (1992). Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10915-10919.)

20

Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5 oder 11 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Desaturase 25 kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 30 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Desaturase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Desaturasen oder Elongasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Desaturase- oder Elongase-Gen 35 können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Desaturase- oder Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäure- 40 polymorphismen in der Desaturase oder Elongase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Desaturasen oder Elongasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

45 Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung

der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in 0,2 x SSC, 0,1 % SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at

Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

- 5 Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29
10 oder 31) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an
15 den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure-
20 oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der
25 Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen.

- Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Desaturase oder Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2,
30 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere
35 Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 durch Standardtechniken, wie stellenspezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, ein-
40 gebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette aus-
45 tauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin,

41

Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Desaturase oder Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Desaturase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Desaturase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefaßt werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

30 Beispielteil

Beispiel 1: Allgemeine Verfahren

a) Allgemeine Klonierungsverfahren:

Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von Escherichia coli- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

b) Chemikalien

Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm),
5 Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H₂O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendo-
10 nukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/
Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer
15 (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

20 Beispiel 2: Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)⁺-RNA aus Pflanzen

Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgt nach einer bei Logemann et al beschriebenen
25 Methode (1987, Anal. Biochem. 163, 21) isoliert. Aus Moos kann die Gesamt-RNA Protonema-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al., 1994, Mol. Gen. Genet., 244:352-359) gewonnen werden.

Beispiel 3: Transformation von Agrobacterium

30

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann zum Beispiel unter Verwendung des GV3101- (pMP90-) (Koncz und Schell, Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383-396) oder LBA4404- (Clontech) oder C58C1 pGV2260 (Deblaere et al 1984, Nucl. Acids Res. 13,
35 4777-4788) Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (ebenfalls Deblaere et al. 1984).

Beispiel 4: Pflanzentransformation

40

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerations-
techniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht:
45 Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E.,

Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton: CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyl-
5 transformation transformiert werden (Moloney et al., Plant
Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989)
694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die Agrobacterium-
und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation
verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die
10 Rapsselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin
als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum
usitatissimum*) lässt sich unter Verwendung von beispielsweise
15 einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13:282-285
beschriebenen Technik durchführen.

Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispiels-
weise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International)
oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University
20 Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchen-
beschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder
über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise bes-
25 chrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993)
ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

Beispiel 5: Plasmide für die Pflanzentransformation

30 Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR
(Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221-230) oder
pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20:1195-1197) ver-
wendet werden. Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch
Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in
35 T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die
Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet
sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschied-
liche Markergene tragen. Insbesondere kann das nptII-Markergen
codierend für Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycin-
40 phosphotransferase gegen die herbizidresistente Form eines
Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) ausgetauscht werden.
Das ALS-Gen ist beschrieben in Ott et al., J. Mol. Biol. 1996,
263:359-360. Der v-ATPase-cl-Promotor kann in das Plasmid pBin19
oder pGPTV kloniert werden und durch Klonierung vor das ALS
45 Codierregion für die Markergenexpression genutzt werden. Der
genannte Promotor entspricht einem 1153 Basenpaarfragment aus
beta-Vulgaris (Plant Mol Biol, 1999, 39:463-475). Dabei können

sowohl Sulphonylharnstoffe als auch Imidazolinone wie Imazethapyr oder Sulphonylharnstoffe als Antimetaboliten zur Selektion verwendet werden.

- 5 Die gewebespezifische Expression lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der DC3- oder der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische
- 10 Promotorelement wie z.B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4):1095-1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1-2):87-98) kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanze lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1
- 15 Promotor verwenden.

Insbesondere lassen sich Gene codierend für Desaturasen und Elongasen durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor klonieren, um den Stoffwechselweg

20 in Pflanzen nachzubilden.

Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in

25 ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

30 Beispiele für Multiexpressionskassetten sind im folgenden gegeben.

I.) Promotor-Terminator-Kassetten

- 35 Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau von Expressionskassetten
- 40 werden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

45

Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

- USP1 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA
 USP2 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA
 5 USP3 vorne: CCGGAATTCGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTTACACATTGCCA
 USP1 hinten: AAAACTGCAGGCGGCCGCCACCGCGGTGGGCTGGCTATGAAGAAATT
 USP2 hinten: CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT
 USP3 hinten: TCCCCCGGGATCGATGCCGCGAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT
 OCS1 vorne: AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCCTGCTTTAATGAGATAT
 10 OCS2 vorne: CGCGGATCCGATATCGGGCCCGCTAGCGTTAACCCCTGCTTTAATGAGATAT
 OCS3 vorne: TCCCCCGGGCCATGGCCTGCTTTAATGAGATAT
 OCS1 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA
 OCS2 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA
 OCS3 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

15

Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

- In einem ersten Schritt werden ein Promotor und ein Terminator
 20 über PCR amplifiziert. Dann wird der Terminator in ein Empfänger-
 plasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor
 den Terminator inseriert. Mithin erhält man eine Expressions-
 kassette auf einem Trägerplasmid. Auf Basis des Plamides pUC19
 werden die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

25

- Die Konstrukte sind erfindungsgemäß in SEQ ID NO: 33, 34 bis 42
 definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator.
 Auf Basis dieser Plasmide wird das Konstrukt pUT12 erstellt,
 indem pUT1 mittels SalI/ScaI geschnitten wird und pUT2 mittels
 30 XhoI/ScaI geschnitten wird. Die die Expressionskassetten enthal-
 tenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF
 transformiert. Es wird nach Vereinzellung ampicillinresistenter
 Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone
 identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/
 35 SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnitt-
 stellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten elemi-
 niert. Es resultiert das Plasmid pUT12, das in SEQ ID NO: 36
 definiert ist. Anschließend wird pUT12 wiederum mittels Sal/ScaI
 geschnitten und pUT3 mittels XhoI/ScaI geschnitten. Die die
 40 Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und
 in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzellung
 ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restrik-
 tionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressions-
 kassetten enthalten. Auf diese Weise wird ein Set von Multi-
 45 expressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion

gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

Diese enthalten folgende Elemente:

5

Tabelle 1

	PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
10	PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
15	PUT12 Doppel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
20	PUT123 Tripel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher
25 spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- 30 iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263:359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26
35 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

40 Dem Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 43 bis 49 sind die für die Pflanzentransformation verwendeten Vektoren sowie die Sequenzen der inserierten Gene/Proteine zu entnehmen.

Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-
45 Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 50 bis 52 zu entnehmen.

Tabelle 2: Multiple Expressionskassetten

	Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
5	PUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/PstI/ XbaI/StuI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
	PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
10	PlcBT (pUC19-mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII
15	PUD12 (pUC 19 mit mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
20	PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XhoI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII

* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

25

Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
 30 b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
 c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressionskassetten wie z.B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

- II) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression
 40 in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten.

In pUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die Δ -6-Elongase Pp_PSE1 in die erste Kasette inseriert. Dann wird die Δ -6-Desaturase aus Moos (Pp_des6) über BamHI/NaeI in die
 45 zweite Kasette inseriert und schließlich die Δ -5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt_des5) über BglII/NcoI in die dritte Kasette inseriert. Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1.

Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

5 Tabelle 3: Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

10	Gen Plasmid	Δ -6-Desaturase	Δ -5-Desaturase	Δ -6-Elongase
	pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
	pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
	pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
	pARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

Pp = *Physcomitrella patens*, Pt = *Phaeodactylum tricornutum*

15 Pp_PSE1 entspricht der Sequenz aus SEQ ID NO: 9.

PSE = PUFA spezifische Δ -6-Elongase

Ce_des5 = Δ -5-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF078796)

20 Ce_des6 = Δ -6-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans elegans* (Genbank Acc. Nr. AF031477, Basen 11-1342)

Ce_PSE1 = Δ -6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank Acc. Nr. AF244356, Basen 1-867)

25 Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie z.B. Genbank Acc. Nr. AF231981, NM_013402, AF206662, AF268031, AF226273, AF110510 oder AF110509.

30 iii) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur Transformation von *Agrobacterium tumefaciens* und zur Transformation von Pflanzen

35 Die so erstellten Konstrukte werden mittels AscI in den binären Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wird zu diesem Zweck um eine AscI Schnittstelle erweitert. Zu diesem Zweck wird der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleotide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche AscI DNA Sequenz eingefügt wird. Das Oligonukleotid wird mittels EcoRI und HindIII in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken
40 sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1 beschrieben nachgelesen werden.

Beispiel 6: Untersuchung der Expression eines rekombinanten
Genproduktes in einem transformierten Organismus

Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten
5 Wirtsorganismus kann auf der Transkriptions- und/oder der
Translationsebene gemessen werden.

- Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an
Transkription des Gens (ein Hinweis auf die Menge an RNA,
10 die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht)
ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt
(als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) Current Protocols
in Molecular Biology, Wiley: New York, oder den oben erwähnten
Beispielteil), wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er
15 an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren
Markierung (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert
wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus
extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix
transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und
20 das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge
der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Information zeigt den
Grad der Transkription des transformierten Gens an. Zelluläre
Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren
Verfahren, die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel
25 das von Bormann, E.R., et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326
beschriebene, präpariert werden.

Northern-Hybridisierung:

- 30 Für die RNA-Hybridisierung wurden 20 µg Gesamt-RNA oder 1 µg
poly(A)⁺-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit
einer Stärke von 1,25 % unter Verwendung von Formaldehyd, wie
beschrieben in Amasino (1986, Anal. Biochem. 152, 304) auf-
getrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10 x
35 SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N+, Amersham,
Braunschweig) übertragen, mittels UV-Licht immobilisiert und
3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer
(10 % Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1 % SDS, 100 mg Herings-
sperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit
40 dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland)
erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von
alpha-³²P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die Hybridi-
sierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen
Puffer bei 68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschrte wurden
45 zweimal für 15 min unter Verwendung von 2 X SSC und zweimal für
30 min unter Verwendung von 1 X SSC, 1 % SDS, bei 68°C durch-

geführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei -70°C für einen Zeitraum von 1 bis 14 T durchgeführt.

Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von
5 dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie
ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel
et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley:
New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamt-
Proteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt,
10 auf eine Matrix, wie Nitrozellulose, übertragen und mit einer
Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte
Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer
chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen,
die sich leicht nachweisen lässt. Das Vorliegen und die Menge
15 der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge
des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

Beispiel 7: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine
auf die Produktion des gewünschten Produktes

20

Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen,
Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Ver-
bindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die
modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze
25 unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen)
gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Kompo-
nenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d.h.
von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analyse-
techniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie,
30 Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art,
enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische
Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie
(siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial
Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985);
35 Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry"
in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology,
Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III:
"Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim;
Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing
40 for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und
Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materi-
als, John Wiley and Sons; Shaelwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988)
Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial
Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und
45 Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in
biotechnology, Noyes Publications).

Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z.B. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103-129; 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33:343-353).

Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C

52

erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben.

- 5 Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen
- 10 Fettsäuremethylester muss unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definiert werden.

Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die

- 15 Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fettsäuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

20

Expressionskonstrukte in heterologen mikrobiellen Systemen

Stämme, Wachstumsbedingungen und Plasmide

- 25 Der *Escherichia coli*-Stamm XL1 Blue MRF' kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der neuen Desaturase pPDesaturase1 aus *Physcomitrella patens* verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens verwendeten wir den *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.). *E. coli* wurde in Luria-Bertini-Brühe (LB,
- 30 Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 1,5 % Agar (Gew./Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. *S. cerevisiae* wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMDm; siehe in: Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston,
- 35 R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K., Albright, L.B., Coen, D.M., und Varki, A. (1995) *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2 % (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2 % (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco)
- 40 hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

53

Beispiel 8: Klonierung und Expression PUFA-spezifischer
Desaturasen und Elongaen

- Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus
- 5 SeQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31. so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligonukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet, dass eine Konsensussequenz vor dem Startcodon zur effizienten
- 10 Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basenfolge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz eingefügt (Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes, Cell 44, 283-292). Vor diesem Konsensustriplett
- 15 wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt, die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors, in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen soll.
- 20 Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C, gefolgt von 30 Zyklen mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min
- 25 bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Syntheszeit von etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss auf die PCR haben wie z.B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc.,
- 30 sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf variiert werden.

- Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA
- 35 wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN) extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphorylierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden. Nach der Transformation von E. coli XL1 Blue MRF' kan wurde
- 40 eine DNA-Minipräparation (Riggs, M.G., & McLachlan, A. (1986) A simplified screening procedure for large numbers of plasmid minipreparation. BioTechniques 4, 310-313) an ampicillinresistenten Transformanten durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten
- 45 PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des

ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

Fettsäureanalyse

5

Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

Die Samen wurden mit 1 % Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT inkubiert. Anschließend wird mit NaCl

10 Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen.

Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 mikrom; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis

15 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA)

20 identifiziert.

Expressionsanalyse

Ergebnis der Expression einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ -6-Acyl Lipid Desaturase, einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ -5-Acyl Lipid Desaturase und der delta-6 spezifischen Elongase in Tabaksamen:

Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen. Die Pflanzen wurden mit einer 3-fach Expressionskassette transformiert, die

30 unter der Kontrolle des USP Promotors die delta-6-, die delta-5- und die *Physcomitrella patens* PpPSE1 exprimiert (pARA2). Es wurden 100 transgene Tabak und Leinpflanzen hergestellt, von denen ca. 20 % Arachidonsäure im Samen synthetisierten.

35 Figur 3: Tabak Wildtypkontrolle.

Beispiel 9: Reinigung des gewünschten Produktes aus transformierten Organismen

40 Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus Pflanzenmaterial oder Pilzen, Algen, Ciliaten, tierischen Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kulturen kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt nicht aus den Zellen sezerniert, können die Zellen aus

45 der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standardtechniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Organe von Pflanzen können

55

- mechanisch von anderem Gewebe oder anderen Organen getrennt werden. Nach der Homogenisation werden die Zelltrümmer durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraktion, welche die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung
- 5 der gewünschten Verbindung aufbewahrt. Wird das Produkt aus gewünschten Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraktion wird zur weiteren Reinigung aufbewahrt.
- 10 Die Überstandsfraktion aus jedem Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe
- 15 hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können wenn nötig wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl geeigneter Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das
- 20 gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.
- Im Fachgebiet ist ein breites Spektrum an Reinigungsverfahren bekannt, und das vorstehende Reinigungsverfahren soll nicht
- 25 beschränkend sein. Diese Reinigungsverfahren sind zum Beispiel beschrieben in Bailey, J.E., & Ollis, D.F., Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986).

- Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann
- 30 durch Standardtechniken des Fachgebiets bestimmt werden. Dazu gehören Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, insbesondere Dünnschichtchromatographie und Flammenionisationsdetektion (IATROSCAN, Iatron, Tokio, Japan), NIRS, Enzymtest oder
- 35 mikrobiologisch. Eine Übersicht über diese Analyseverfahren siehe in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11:27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90,
- 40 S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A., et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

Äquivalente

Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

10

15

20

25

30

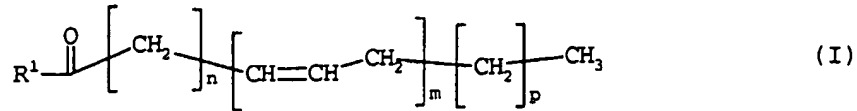
35

40

45

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen
 5 Formel I:



10

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens
 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekenn-
 15 zeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in
 eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer
 Δ -6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
 20 b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz,
 die für ein Polypeptid mit einer Δ -6-Elongaseaktivität
 codiert; und
 25 c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäure-
 sequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ -5-Desaturase-
 aktivität codiert; und
 d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und
 30

wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I
 folgende Bedeutung haben:

35 $R^1 = -OH$, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phos-
 phatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphati-
 dylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-,
 Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der
 folgenden allgemeinen Formel II

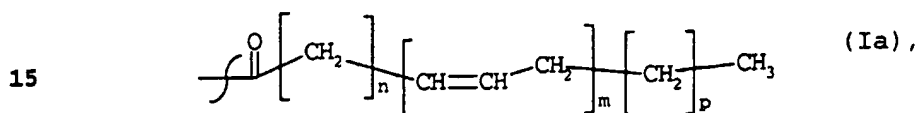
40



45

58

- $R^2 = \text{H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-,}$
 $\text{Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phos-}$
 $\text{phatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Shingolipid-,}$
 $\text{Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes}$
 5 $\text{oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-,}$
- $R^3 = \text{H, gesättigtes oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-,}$
 oder
- 10 R^2 und R^3 unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen
 Formel Ia



$n = 3, 4 \text{ oder } 6, m = 3, 4 \text{ oder } 5 \text{ und } p = 0 \text{ oder } 3.$

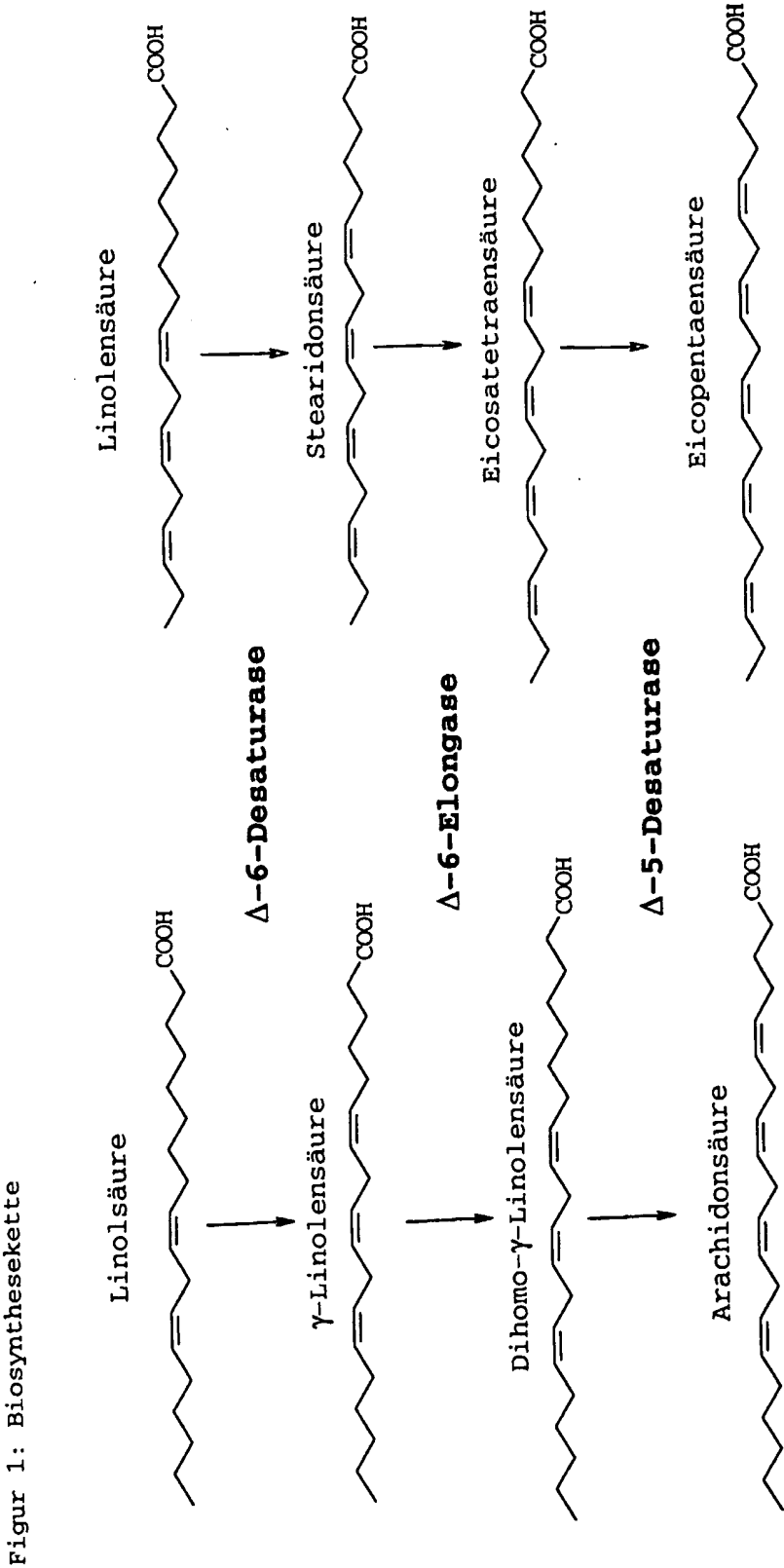
- 20 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die
 Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander $\text{C}_{10}\text{-C}_{22}\text{-Alkyl-}$
 carbonyl- bedeuten.
- 25 3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet,
 dass die Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander $\text{C}_{16}\text{-},$
 $\text{C}_{18}\text{-}, \text{C}_{20}\text{-}$ oder $\text{C}_{22}\text{-Alkylcarbonyl-}$ bedeuten.
- 30 4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeich-
 net, dass die Substituenten R^2 und R^3 unabhängig voneinander
 ungesättigtes $\text{C}_{16}\text{-}, \text{C}_{18}\text{-}, \text{C}_{20}\text{-}$ oder $\text{C}_{22}\text{-Alkylcarbonyl-}$ mit ein,
 Zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen bedeuten.
- 35 5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeich-
 net, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.
- 40 6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeich-
 net, dass die transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe
 Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Nachtkerze, Königskerze,
 Distel, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer,
 Wildrosen, Kürbis, Pistazien, Sesam, Sonnenblume, Färber-
 distel, Borretsch, Mais, Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive,
 Calendula, Punica, Ölpalme, Walnuss oder Kokosnuß ist.

59

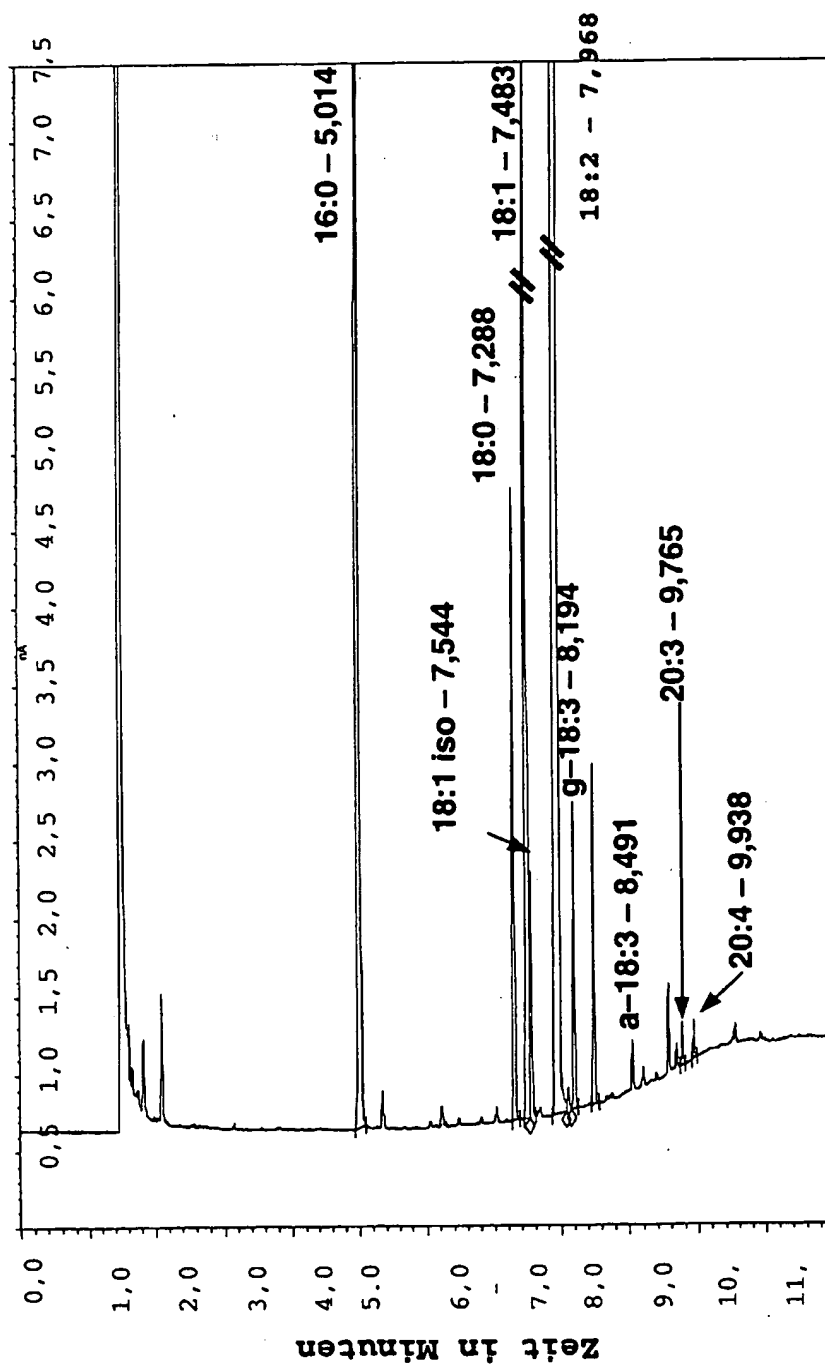
7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der Formel I durch Pressen oder Extraktion aus den transgenen Pflanzen in Form ihrer Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren gewonnen werden.
- 5
8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass die gemäß Anspruch 7 gewonnenen Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren raffiniert werden.
- 10 9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass man die in den Verbindungen der Formel I enthaltenden gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren freisetzt.
- 15 10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren über eine alkalische Hydrolyse oder eine enzymatische Abspaltung freigesetzt werden.
- 20 11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in den transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 5 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren enthalten sind.
- 25 12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass, die für die Polypeptide mit einer Δ -6-Desaturaseaktivität, Δ -6-Elongaseaktivität oder Δ -5-Desaturaseaktivität codierenden Nukleinsäuresequenzen, ausgewählt aus der Gruppe sind:
- 30
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,
- 35
- b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32
- 40
- dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- 45

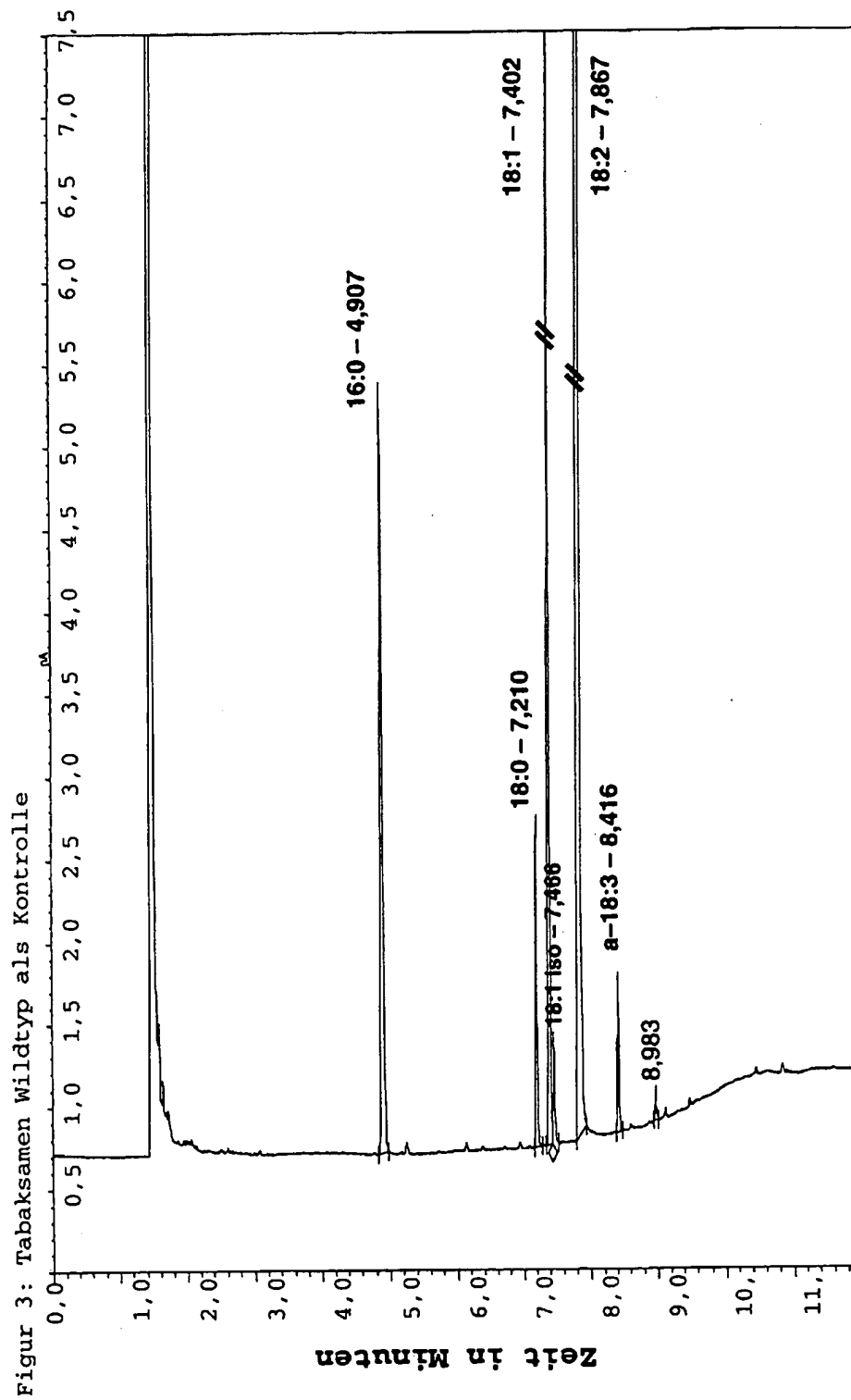
60

- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.
13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 8 in einem Nukleinsäurekonstrukt mit einem oder mehreren Regulationssignalen verknüpft sind.
14. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n).



Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen





SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter
Fettsäuren in Pflanzen

<130> 2002/271

<140> 2002_271

<141> 2002-04-26

<160> 64

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1687

<212> DNA

<213> *Borago officinalis*

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 1

tatctgccta ccctcccaaa gagagtagtc atttttcatc a atg gct gct caa atc 56

Met Ala Ala Gln Ile

1

5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga 104

Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly

10

15

20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg 152

Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp

25

30

35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt 200

Val	Lys	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Phe	Pro	Leu	Lys	Ser	Leu	Ala	Gly		
40				45				50									
caa	gag	gta	act	gat	gca	ttt	gtt	gca	ttc	cat	cct	gcc	tct	aca	tgg	248	
Gln	Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Phe	Val	Ala	Phe	His	Pro	Ala	Ser	Thr	Trp		
55				60				65									
aag	aat	ctt	gat	aag	ttt	ttc	act	ggg	tat	tat	ctt	aaa	gat	tac	tct	296	
Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Phe	Phe	Thr	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ser		
70				75				80				85					
gtt	tct	gag	gtt	tct	aaa	gat	tat	agg	aag	ctt	gtg	ttt	gag	ttt	tct	344	
Val	Ser	Glu	Val	Ser	Lys	Asp	Tyr	Arg	Lys	Leu	Val	Phe	Glu	Phe	Ser		
90				95				100									
aaa	atg	ggt	ttg	tat	gac	aaa	aaa	ggt	cat	att	atg	ttt	gca	act	ttg	392	
Lys	Met	Gly	Leu	Tyr	Asp	Lys	Lys	Gly	His	Ile	Met	Phe	Ala	Thr	Leu		
105				110				115									
tgc	ttt	ata	gca	atg	ctg	ttt	gct	atg	agt	gtt	tat	ggg	gtt	ttg	ttt	440	
Cys	Phe	Ile	Ala	Met	Leu	Phe	Ala	Met	Ser	Val	Tyr	Gly	Val	Leu	Phe		
120				125				130									
tgt	gag	ggt	gtt	ttg	gta	cat	ttg	ttt	tct	ggg	tgt	ttg	atg	ggg	ttt	488	
Cys	Glu	Gly	Val	Leu	Val	His	Leu	Phe	Ser	Gly	Cys	Leu	Met	Gly	Phe		
135				140				145									
ctt	tgg	att	cag	agt	ggt	tgg	att	gga	cat	gat	gct	ggg	cat	tat	atg	536	
Leu	Trp	Ile	Gln	Ser	Gly	Trp	Ile	Gly	His	Asp	Ala	Gly	His	Tyr	Met		
150				155				160				165					
gta	gtg	tct	gat	tca	agg	ctt	aat	aag	ttt	atg	ggt	att	ttt	gct	gca	584	
Val	Val	Ser	Asp	Ser	Arg	Leu	Asn	Lys	Phe	Met	Gly	Ile	Phe	Ala	Ala		
170				175				180									
aat	tgt	ctt	tca	gga	ata	agt	att	ggt	tgg	tgg	aaa	tgg	aac	cat	aat	632	
Asn	Cys	Leu	Ser	Gly	Ile	Ser	Ile	Gly	Trp	Trp	Lys	Trp	Asn	His	Asn		
185				190				195									
gca	cat	cac	att	gcc	tgt	aat	agc	ctt	gaa	tat	gac	cct	gat	tta	caa	680	

Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln	
200 205 210	
tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc	728
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr	
215 220 225	
tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc	776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe	
230 235 240 245	
ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct	824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala	
250 255 260	
agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga	872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg	
265 270 275	
aat gtg tcc tat cga gct cat gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg	920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser	
280 285 290	
att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga	968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg	
295 300 305	
att atg ttt gtt att gca agt ttg tca gtg act gga atg caa caa gtt	1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val	
310 315 320 325	
cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct	1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro	
330 335 340	
aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att	1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile	
345 350 355	
tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa	1160

Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln
 360 365 370

 att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa 1208
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys
 375 380 385

 atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac 1256
 Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr
 390 395 400 405

 aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg 1304
 Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu
 410 415 420

 agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag 1352
 Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys
 425 430 435

 aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt 1398
 Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
 440 445

 agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac 1458

 ttgttgaggat cattgcaact tgtcttttat gggtttattag atgtttttta atatatttta 1518

 gaggtttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcattattgt caattgttgt 1578

 gctcaatctc tgatatatttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat 1638

 gtgtacttct atagactttg tttaaagtgt tatgaaaaaa aaaaaaaaaa 1687

<210> 2

<211> 448

<212> PRT

<213> Borago officinalis

<400> 2

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn
 1 5 10 15
 His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr
 20 25 30
 Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu
 35 40 45
 Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His
 50 55 60
 Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr
 65 70 75 80
 Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu
 85 90 95
 Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile
 100 105 110
 Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val
 115 120 125
 Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly
 130 135 140
 Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp
 145 150 155 160
 Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met
 165 170 175
 Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp
 180 185 190
 Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr
 195 200 205
 Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe

210 215 220

Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp
225 230 235 240

Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro
245 250 255

Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met
260 265 270

Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly
275 280 285

Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro
290 295 300

Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr
305 310 315 320

Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val
325 330 335

Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp
340 345 350

Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly
355 360 365

Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg
370 375 380

Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys
385 390 395 400

His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met
405 410 415

Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr
420 425 430

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
 435 440 445

<210> 3

<211> 1192

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (58)..(930)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 3

ctgcttcgtc tcattctggg ggtgtgattc gggagtgggt tgagttggtg gagcgca 57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 105
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
 1 5 10 15

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 153
 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
 20 25 30

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 201
 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
 35 40 45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 249
 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
 50 55 60

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg 297
 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt 345
 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

	85	90	95	
ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac				393
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr				
	100	105	110	
tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att				441
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile				
	115	120	125	
ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc				489
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr				
	130	135	140	
gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac				537
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His				
	145	150	155	160
gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat				585
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His				
	165	170	175	
cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga				633
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly				
	180	185	190	
gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga				681
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg				
	195	200	205	
agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg				729
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu				
	210	215	220	
aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac				777
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr				
	225	230	235	240
tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att				825
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile				

245	250	255	
ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac			873
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr			
260	265	270	
gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa			921
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys			
275	280	285	
act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg			970
Thr Glu			
290			
aagttggtgc tttcttatct ccacttatct ttttaagcagc atcagttttg aaatgatgtg			1030
tgggcgtggt ctgcaagtag tcataaatat aatcggcctg agcacttcag atggattgtt			1090
agaacatgag taaaagcgtg tattacggtg tttattttgt accaaatcac cgcacgggtg			1150
aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaa aa			1192
<210> 4			
<211> 290			
<212> PRT			
<213> Physcomitrella patens			
<400> 4			
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser			
1	5	10	15
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp			
20	25	30	
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile			
35	40	45	
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu			
50	55	60	

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285

Thr Glu
 290

<210> 5

<211> 1054

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (43)..(858)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 5

gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54
 Met Met Glu Pro

1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102
 Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser
 5 10 15 20

tcg gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc 150
 Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe
 25 30 35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198
 Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser
 40 45 50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246
 Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn
 55 60 65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294
 Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu

70	75	80	
tgc ctc ttc tgc gcc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc			342
Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile			
85	90	95	100
cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc			390
Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu			
	105	110	115
aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag			438
Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys			
	120	125	130
atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag			486
Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys			
	135	140	145
ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac			534
Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr			
	150	155	160
gcc atc gac cac atc ttt ctc tgc tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc			582
Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val			
165	170	175	180
aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc			630
Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe			
	185	190	195
ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc			678
Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe			
	200	205	210
att ttc agc atc gcc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc			726
Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys			
	215	220	225
gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt			774
Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu			

```

      230              235                  240

ttc gtc gtg ccc ttc ctg atc ctg ttg ttc aaG ttg tac ctg gag gag   822
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln
245             250                 255               260

tac gtc ctg gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaca         868
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
          265                     270

gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat 928

catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 988

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1048

ctcgag                                           1054
```

<210> 6

<211> 271

<212> PRT

<213> Thraustochytrium

<400> 6

```

Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala
  1                      5                      10                      15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala
          20                      25                      30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu
      35                      40                      45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr
  50                      55                      60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His
  65                      70                      75                      80

```

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
85 90 95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
100 105 110

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
115 120 125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
130 135 140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
145 150 155 160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
165 170 175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
180 185 190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
195 200 205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
210 215 220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
225 230 235 240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
245 250 255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
260 265 270

<210> 7

<211> 2040

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(1627)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 7

ctcaggcagg tctcagttga tgagacgctg agttctgaat cctttgagct gtgtcaggct 60

cggcacttgt gggatggtga aggagtgatc gatcaggagt gcaggagctg cattagtttc 120

tcagggtcga tcaggttatt ctgaaaaagg ctgcgtctgt gagcagtttg caaaa atg 178

Met

1

gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc aag 226

Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser Lys

5

10

15

tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act ttg 274

Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr Leu

20

25

30

aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag aca 322

Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln Thr

35

40

45

ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct ctg 370

Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser Leu

50

55

60

65

gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc gtc 418

Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile Val

70

75

80

aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct gga 466

Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro Gly

85

90

95

ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca gac gtt ttc	514
Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe	
100 105 110	
 gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac tac	562
Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr Tyr	
115 120 125	
 att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa gac	610
Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys Asp	
130 135 140 145	
 tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag agt	658
Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys Ser	
150 155 160	
 tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc ttt	706
Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu Phe	
165 170 175	
 gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct att	754
Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala Ile	
180 185 190	
 gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga tgg	802
Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly Trp	
195 200 205	
 ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc gcg	850
Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr Ala	
210 215 220 225	
 aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt agt	898
Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe Ser	
230 235 240	
 gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat	946
Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn	
245 250 255	

gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act ctc 994
 Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu
 260 265 270

ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt gag agc aag 1042
 Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys
 275 280 285

aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att ctg cct cta 1090
 Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro Leu
 290 295 300 305

ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg ctc ttc aca 1138
 Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe Thr
 310 315 320

ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag aag gga aca 1186
 Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly Thr
 325 330 335

gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc cat att ttg 1234
 Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile Leu
 340 345 350

ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act gag ctt gtg 1282
 Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu Val
 355 360 365

gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac aat gga aag 1330
 Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly Lys
 370 375 380 385

gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag gtt att acc 1378
 Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile Thr
 390 395 400

acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc act ggg gga 1426
 Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly
 405 410 415

ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg ccc agg cac 1474
Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His
420 425 430

aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc aag aag cac 1522
Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys His
435 440 445

ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct gtc gcg gtt 1570
Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala Val
450 455 460 465

gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att cgg ctt cac 1618
Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu His
470 475 480

gct cac taa gaaatcgctg aactttgact attcattttt ttgcctggc 1667
Ala His

tacctcaaat gtctgggagc aggtgcttgg cagtgtgttc aaccggagcg cactgaaaat 1727

gtgcagaatc catttccaga aattaccatt cctagctaaa tcttcttttt accaggtcgg 1787

atatatgaaa cttttttgat gcaacaagta gcattcaatt gaagacattg ttcgagatat 1847

aattcgcagt gtttctattc agcgggcata cgtactagtc catatcggcg gttgccgaga 1907

gtttacatta ttagttggca caacgagtag atctagtgtg aatttctatt tccgcatgta 1967

atattactct gaatatatac cgttatctat tttcctaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2027

aaaaaaaaaa aaa 2040

<210> 8

<211> 483

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 8

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
 1 5 10 15
 Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
 20 25 30
 Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
 35 40 45
 Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
 50 55 60
 Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
 65 70 75 80
 Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
 85 90 95
 Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
 100 105 110
 Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
 115 120 125
 Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
 130 135 140
 Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
 145 150 155 160
 Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
 165 170 175
 Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
 180 185 190
 Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
 195 200 205
 Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr

[illegible]

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
 435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala
 450 455 460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu
 465 470 475 480

His Ala His

<210> 9

<211> 1467

<212> DNA

<213> *Ceratodon purpureus*

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(1461)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 9

ggatccaaa atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca 51

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr

1

5

10

tgg agc aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg 99

Trp Ser Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly

15

20

25

30

cct act ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg 147

Pro Thr Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala

35

40

45

gga cag aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act 195

Gly Gln Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr

50

55

60

tac tct ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg	243
Tyr Ser Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp	
65 70 75	
atg atc gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac	291
Met Ile Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp	
80 85 90	
cac cct gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca	339
His Pro Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr	
95 100 105 110	
gac gtt ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat	387
Asp Val Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn	
115 120 125	
gac tac tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg	435
Asp Tyr Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu	
130 135 140	
ctt aaa gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt	483
Leu Lys Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu	
145 150 155	
ttc aag agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca	531
Phe Lys Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala	
160 165 170	
gct ctc ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac	579
Ala Leu Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr	
175 180 185 190	
tgg gct att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag	627
Trp Ala Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln	
195 200 205	
tgt gga tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac	675
Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn	
210 215 220	

cgt acc gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt	723
Arg Thr Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu	
225 230 235	
ggc ttt agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act	771
Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr	
240 245 250	
gct ccg aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att	819
Ala Pro Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile	
255 260 265 270	
gat act ctc ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt	867
Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val	
275 280 285	
gag agc aag aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att	915
Glu Ser Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile	
290 295 300	
ctg cct cta ttg ttc atg gcc cgg tac agt tgg act ttt gga agt ttg	963
Leu Pro Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu	
305 310 315	
ctc ttc aca ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag	1011
Leu Phe Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu	
320 325 330	
aag gga aca gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc	1059
Lys Gly Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe	
335 340 345 350	
cat att ttg ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act	1107
His Ile Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr	
355 360 365	
gag ctt gtg gcc ggt ttg ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac	1155
Glu Leu Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His	
370 375 380	

aat gga aag gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag 1203
 Asn Gly Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln
 385 390 395

gtt att acc acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc 1251
 Val Ile Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe
 400 405 410

act ggg gga ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg 1299
 Thr Gly Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met
 415 420 425 430

ccc agg cac aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc 1347
 Pro Arg His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys
 435 440 445

aag aag cac ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct 1395
 Lys Lys His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser
 450 455 460

gtc gcg gtt gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att 1443
 Val Ala Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile
 465 470 475

cgg ctt cac gct cac taa gtcgac 1467
 Arg Leu His Ala His
 480

<210> 10

<211> 483

<212> PRT

<213> *Ceratodon purpureus*

<400> 10

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
 1 5 10 15

Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
 20 25 30

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
 35 40 45

Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
 50 55 60

Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
 65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
 85 90 95

Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
 100 105 110

Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
 115 120 125

Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
 130 135 140

Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
 145 150 155 160

Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
 165 170 175

Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
 180 185 190

Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
 195 200 205

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr
 210 215 220

Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe
 225 230 235 240

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
 245 250 255

Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr
 260 265 270

Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser
 275 280 285

Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro
 290 295 300

Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe
 305 310 315 320

Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly
 325 330 335

Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile
 340 345 350

Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu
 355 360 365

Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly
 370 375 380

Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile
 385 390 395 400

Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly
 405 410 415

Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg
 420 425 430

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
 435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala

450

455

460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu

465

470

475

480

His Ala His

<210> 11

<211> 2160

<212> DNA

<213> *Ceratodon purpureus*

<220> .

<221> CDS

<222> (159)..(1721)

<223> Delta-6-Desaturase.

<400> 11

cggaggtctc ttgtcgttct tggagtcgtg gtcgagcttg gaatgcggta ggcgcggccg 60

tttcgtgggt ttggcgttgg cattgcgcga ggcggacag tgggagtcgc ggaggtctgt 120

ttgtgcatga cgaggtgggt gtaatcttcg ccggcaga atg gtg tcc cag ggc ggc 176

Met Val Ser Gln Gly Gly

1

5

ggg ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac att gac gtt gag cac ttg 224

Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Leu

10

15

20

gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta aat gtc ctg gga acg act 272

Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu Asn Val Leu Gly Thr Thr

25

30

35

ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc gct ttc aag agg ctc acg 320

Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe Ala Phe Lys Arg Leu Thr

40

45

50

act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg gag gca caa aaa gaa tcg 368

Thr	Lys	Lys	His	Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Val	Glu	Ala	Gln	Lys	Glu	Ser				
55					60					65				70					
ggt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct caa tcg gtt gcg cag ccc																416			
Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser Gln Ser Val Ala Gln Pro																			
				75				80					85						
atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag ccg gtt act tac agc ctg																464			
Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys Pro Val Thr Tyr Ser Leu																			
			90				95						100						
aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag gac tgc tgg att ata atc																512			
Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln Asp Cys Trp Ile Ile Ile																			
		105				110						115							
aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc gct gag cag cac cct gga																560			
Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe Ala Glu Gln His Pro Gly																			
		120				125				130									
ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga gac gcc aca gat gtt ttc																608			
Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe																			
135					140					145				150					
tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag att ctt cag aat ttc tac																656			
Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys Ile Leu Gln Asn Phe Tyr																			
				155				160					165						
atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act ttg gag ctg ctg aag gag																704			
Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr Leu Glu Leu Leu Lys Glu																			
				170				175					180						
tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga gaa cag ctt ttc aag agt																752			
Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser																			
			185				190					195							
tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc ata aat gtt tcc att gtt																800			
Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu Ile Asn Val Ser Ile Val																			
		200				205				210									
gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac aag tct tac cgg gcg gtt																848			

[illegible]

Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser Val Ala Phe Tyr Leu Leu
 375 380 385 390

ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg gtc agc gag ctc atg tct 1376
 Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val Val Ser Glu Leu Met Ser
 395 400 405

ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc agt cac aat gga atg gag 1424
 Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu
 410 415 420

gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat gcc cag att gca tcg act 1472
 Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn Ala Gln Ile Ala Ser Thr
 425 430 435

cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat tgg ttc acc gga ggt ctc 1520
 Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu
 440 445 450

aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca acg atg ccc agg cac aac 1568
 Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn
 455 460 465 470

ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act ttg tgc aag aag cat gga 1616
 Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr Leu Cys Lys Lys His Gly
 475 480 485

ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg ggc act tac cgg gtt ttg 1664
 Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser Gly Thr Tyr Arg Val Leu
 490 495 500

aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct tca cac cag cag ctt gct 1712
 Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala Ser His Gln Gln Leu Ala
 505 510 515

gcg agt tga ggcacgcag cactcgtcga aacatttttg tctgttatag 1761
 Ala Ser
 520

tgttcatatg tgatcgaggg gaaaagggtcc catgctctga tctattcttc tgtagccaat 1821

atttttcaat tgaaggagg ttcctcactt atcttccatc tatcgttgca catcctgcat 1881
 cagagtttagc gttggagtaa tgtaagcac ttgtagatta tgcccacat tgccacattt 1941
 ctgttcgggtt acaatcggtt gattccatgc tatcctccgt gttcatctcg ttgttataag 2001
 caagcttgaa aaaacatgct acgagattgg cagacgttgt cttggcagct gtagagggtg 2061
 gttccattca ttgtgtagta cagaactctc tcgtccctgt ttctctacat tacttggtac 2121
 atagtgactt tcattcacag caaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

<210> 12

<211> 520

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 12

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
 20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
 35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
 50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
 65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
 85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
 100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
325 330 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
515 520

<210> 13

<211> 1434

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1434)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 13

atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct	48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala	
1 5 10 15	

cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac	96
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp	
20 25 30	

gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac	144
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His	
35 40 45	

gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg	192
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met	
50 55 60	

acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg	240
Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met	
65 70 75 80	

aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag	288
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu	
85 90 95	

ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa	336
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys	
100 105 110	

ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac	384
---	-----

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr	
115 120 125	
aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc	432
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val	
130 135 140	
ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg	480
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu	
145 150 155 160	
gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac	528
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt	576
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe	
180 185 190	
tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag	624
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys	
195 200 205	
cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc	672
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val	
210 215 220	
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg	720
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp	
225 230 235 240	
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag	768
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys	
245 250 255	
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac	816
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr	
260 265 270	
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc	864

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe	
275	280 285
aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa	912
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu	
290	295 300
ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc	960
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile	
305	310 315 320
ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc	1008
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg	
	325 330 335
ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc	1056
Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser	
	340 345 350
tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg	1104
Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met	
	355 360 365
gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc	1152
Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val	
	370 375 380
acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt	1200
Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe	
	385 390 395 400
gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta	1248
Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu	
	405 410 415
ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc	1296
Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val	
	420 425 430
gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt	1344

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
 435 440 445

gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc 1392
 Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
 450 455 460

gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa 1434
 Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
 465 470 475

<210> 14

<211> 477

<212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 14

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 40 45

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
 85 90 95

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
 100 105 110

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr

115	120	125
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
130	135	140
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		
145	150	155
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
	165	170
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
	180	190
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		
	195	200
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
	210	215
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
	225	230
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		
	245	250
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
	260	265
Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe		
	275	280
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu		
	290	295
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile		
	305	310
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg		
	325	330
		335

Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
340 345 350

Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
355 360 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
370 375 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
385 390 395 400

Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
405 410 415

Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
420 425 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
435 440 445

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
450 455 460

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465 470 475

<210> 15

<211> 1563

<212> DNA

<213> *Ceratodon purpureus*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1563)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 15

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac	48
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn	
1 5 10 15	
att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta	96
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu	
20 25 30	
aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc	144
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe	
35 40 45	
gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg	192
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val	
50 55 60	
gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct	240
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser	
65 70 75 80	
caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag	288
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys	
85 90 95	
ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag	336
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln	
100 105 110	
gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc	384
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe	
115 120 125	
gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga	432
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg	
130 135 140	
gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag	480
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys	
145 150 155 160	

att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act	528
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	
165 170 175	
ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga	576
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	
180 185 190	
gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc	624
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	
195 200 205	
ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac	672
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	
210 215 220	
aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt	720
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	
225 230 235 240	
att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta	768
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	
245 250 255	
ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac	816
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	
260 265 270	
gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg	864
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	
275 280 285	
cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat	912
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	
290 295 300	
gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg	960
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	
305 310 315 320	

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac	1008
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	
325 330 335	
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt	1056
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe	
340 345 350	
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag	1104
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys	
355 360 365	
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt	1152
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser	
370 375 380	
gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg	1200
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val	
385 390 395 400	
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc	1248
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu	
405 410 415	
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat	1296
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn	
420 425 430	
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat	1344
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp	
435 440 445	
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca	1392
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro	
450 455 460	
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act	1440
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr	
465 470 475 480	

ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg 1488
 Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
 485 490 495

ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct 1536
 Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
 500 505 510

tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga 1563
 Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
 515 520

<210> 16

<211> 520

<212> PRT

<213> *Ceratodon purpureus*

<400> 16

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
 20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
 35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
 50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
 65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
 85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
 100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His

325	330	335
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe		
340	345	350
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys		
355	360	365
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser		
370	375	380
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val		
385	390	395
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu		
405	410	415
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn		
420	425	430
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp		
435	440	445
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro		
450	455	460
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr		
465	470	475
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser		
485	490	495
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala		
500	505	510
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser		
515	520	

<211> 1578

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1578)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 17

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac	48
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn	
1 5 10 15	

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc	96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe	
20 25 30	

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa	144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln	
35 40 45	

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc	192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala	
50 55 60	

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga	240
Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly	
65 70 75 80	

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg	288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg	
85 90 95	

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta	336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val	
100 105 110	

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat	384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr	

115	120	125	
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt			432
Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser			
130	135	140	
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca			480
Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala			
145	150	155	160
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag			528
Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu			
	165	170	175
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga			576
Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg			
	180	185	190
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat			624
Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr			
	195	200	205
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca			672
Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala			
	210	215	220
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt			720
Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys			
	225	230	235
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt			768
Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe			
	245	250	255
ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg			816
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly			
	260	265	270
tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag			864
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			

275	280	285	
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act			912
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr			
290	295	300	
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg			960
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp			
305	310	315	320
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc			1008
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile			
325	330	335	
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt			1056
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg			
340	345	350	
ggg agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc			1104
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu			
355	360	365	
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac			1152
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr			
370	375	380	
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca			1200
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro			
385	390	395	400
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc			1248
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly			
405	410	415	
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct			1296
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			
420	425	430	
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga			1344
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			

435	440	445	
aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag			1392
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu			
450	455	460	
cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca			1440
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala			
465	470	475	480
cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac			1488
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp			
	485	490	495
gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa			1536
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu			
	500	505	510
gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa			1578
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser			
	515	520	525
<210> 18			
<211> 525			
<212> PRT			
<213> Physcomitrella patens			
<400> 18			
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn			
1	5	10	15
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe			
	20	25	30
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln			
	35	40	45
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala			
	50	55	60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp

485	490	495
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu		
500	505	510
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser		
515	520	525

<210> 19
 <211> 837
 <212> DNA
 <213> *Phytophthora infestans*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(837)
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 19	
atg tgc act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg	48
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr	
1 5 10 15	
gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg	96
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val	
20 25 30	
cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc	144
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala	
35 40 45	
atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg	192
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met	
50 55 60	
aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac	240
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr	
65 70 75 80	

aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc	288
Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala	
85 90 95	
atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt	336
Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe	
100 105 110	
aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc	384
Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu	
115 120 125	
tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag	432
Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys	
130 135 140	
aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg	480
Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val	
145 150 155 160	
ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca	528
Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser	
165 170 175	
tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act	576
Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr	
180 185 190	
tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac	624
Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr	
195 200 205	
ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc	672
Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly	
210 215 220	
tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg	720
Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro	
225 230 235 240	

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat 768
 Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
 245 250 255

ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag 816
 Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
 260 265 270

gaa tcg aag aag aag ttg taa 837
 Glu Ser Lys Lys Lys Leu
 275

<210> 20

<211> 278

<212> PRT

<213> *Phytophthora infestans*

<400> 20

Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
 1 5 10 15

Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
 20 25 30

His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
 35 40 45

Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
 50 55 60

Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
 65 70 75 80

Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
 85 90 95

Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
 100 105 110

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
115 120 125

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
130 135 140

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
145 150 155 160

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
165 170 175

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
180 185 190

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
195 200 205

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
210 215 220

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
225 230 235 240

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
245 250 255

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
260 265 270

Glu Ser Lys Lys Lys Leu
275

<210> 21

<211> 1410

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

$\langle 222 \rangle$ (1) .. (1410)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 21

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
1 5 10 15

gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96
Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
20 25 30

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144
Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
35 40 45

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192
Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
50 55 60

ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240
 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288
Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
85 90 95

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336
Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
100 105 110

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384
Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
115 120 125

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg 432
Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc 480
Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc 528
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc 576
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa 624
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat 672
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat 720
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg 768
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att 816
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac 864
 Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
 275 280 285

aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct 912
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc	960
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly	
305 310 315 320	
ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg	1008
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val	
325 330 335	
gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc	1056
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe	
340 345 350	
gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa	1104
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu	
355 360 365	
cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt	1152
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly	
370 375 380	
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu	
385 390 395 400	
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala	
405 410 415	
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr	
420 425 430	
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His	
435 440 445	
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro	
450 455 460	

ttg acc gga cgg gcg taa

1410

Leu Thr Gly Arg Ala

465

470

<210> 22

<211> 469

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 22

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val

1

5

10

15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser

20

25

30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr

35

40

45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe

50

55

60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His

65

70

75

80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp

85

90

95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys

100

105

110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu

115

120

125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu

130

135

140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala

145	150	155	160
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala			
	165	170	175
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly			
	180	185	190
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln			
	195	200	205
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp			
	210	215	220
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp			
	225	230	235
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met			
	245	250	255
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile			
	260	265	270
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp			
	275	280	285
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala			
	290	295	300
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly			
	305	310	315
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val			
	325	330	335
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe			
	340	345	350
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu			
	355	360	365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
 370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
 385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
 405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
 420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
 435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
 450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala
 465

<210> 23

<211> 1344

<212> DNA

<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1344)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 23

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48
 Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
 1 5 10 15

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96
 Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly

20	25	30	
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc			144
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe			
35	40	45	
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa			192
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu			
50	55	60	
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag			240
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys			
65	70	75	80
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat			288
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn			
85	90	95	
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta			336
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu			
100	105	110	
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc			384
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe			
115	120	125	
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc			432
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe			
130	135	140	
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga			480
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly			
145	150	155	160
gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat			528
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His			
165	170	175	
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt			576
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val			

180	185	190	
gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac			624
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
195	200	205	
aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt			672
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
210	215	220	
gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat			720
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
225	230	235	240
tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat			768
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
245	250	255	
tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca			816
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
260	265	270	
atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga			864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
275	280	285	
aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg			912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
290	295	300	
tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg			960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
305	310	315	320
ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta			1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
325	330	335	
gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac			1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			

355

360

365

370

375

380

385

390

395

400

405

410

415

420

425

430

435

440

445

<213> Caenorhabditis elegans

Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp

1

5

10

15

20

25

30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe

35	40	45
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu		
50	55	60
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys		
65	70	75 80
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn		
85	90	95
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu		
100	105	110
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe		
115	120	125
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe		
130	135	140
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly		
145	150	155 160
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His		
165	170	175
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val		
180	185	190
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His		
195	200	205
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu		
210	215	220
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr		
225	230	235 240
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His		
245	250	255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
435 440 445

<210> 25

<211> 954

<212> DNA

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(954)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 25

atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc	48
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro	
1 5 10 15	

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc	96
Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val	
20 25 30	

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct	144
Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro	
35 40 45	

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc	192
Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val	
50 55 60	

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag	240
Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys	
65 70 75 80	

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc	288
Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser	
85 90 95	

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc	336
Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala	
100 105 110	

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag	384
Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln	
115 120 125	

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag	432
Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu	
130 135 140	
ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc	480
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe	
145 150 155 160	
ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag	528
Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln	
165 170 175	
ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg	576
Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu	
180 185 190	
act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt	624
Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly	
195 200 205	
gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag	672
Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln	
210 215 220	
ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc	720
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe	
225 230 235 240	
gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt	768
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly	
245 250 255	
acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc	816
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu	
260 265 270	
ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag	864
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys	
275 280 285	

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc 912
 Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
 290 295 300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa 954
 Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
 305 310 315

<210> 26

<211> 317

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 26

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
 1 5 10 15

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
 20 25 30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
 35 40 45

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
 50 55 60

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
 65 70 75 80

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
 85 90 95

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
 100 105 110

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
 115 120 125

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130 135 140

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 27

<211> 1320

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1320)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 27

atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc 48
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
1 5 10 15

gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg 96
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
20 25 30

tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc 144
Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
35 40 45

ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag 192
 Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
 50 55 60

ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg 240
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65 70 75 80

aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag 288
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
85 90 95

gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag 336
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
100 105 110

ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac 384
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
115 120 125

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg	432
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met	
130 135 140	
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc	480
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly	
145 150 155 160	
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg	528
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly	
165 170 175	
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc	576
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe	
180 185 190	
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggc cac tac tgg aag aac cag cac	624
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His	
195 200 205	
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc	672
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu	
210 215 220	
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc	720
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val	
225 230 235 240	
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc	768
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu	
245 250 255	
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac	816
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr	
260 265 270	
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc	864
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val	
275 280 285	

tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc	912
Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu	
290 295 300	
ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc	960
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly	
305 310 315 320	
ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac	1008
Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His	
325 330 335	
ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg	1056
Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala	
340 345 350	
gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg	1104
Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp	
355 360 365	
tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg	1152
Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr	
370 375 380	
gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc	1200
Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu	
385 390 395 400	
ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg	1248
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala	
405 410 415	
gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc	1296
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly	
420 425 430	
gcc gac acc aag aag cag gac tga	1320
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp	
435 440	

<210> 28

<211> 439

<212> PRT

<213> Thraustochytrium

<400> 28

Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
1 5 10 15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
20 25 30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
35 40 45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
50 55 60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65 70 75 80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
85 90 95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
100 105 110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
115 120 125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
130 135 140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
145 150 155 160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
165 170 175

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
 180 185 190

Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
 195 200 205

Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
 210 215 220

Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
 225 230 235 240

Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
 245 250 255

Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
 260 265 270

Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
 275 280 285

Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
 290 295 300

Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
 305 310 315 320

Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
 325 330 335

Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
 340 345 350

Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
 355 360 365

Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 370 375 380

Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu

385 390 395 400
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
 405 410 415
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
 420 425 430
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435

<210> 29

<211> 957

<212> DNA

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(957)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 29

atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg 48
 Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
 1 5 10 15

ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc 96
 Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
 20 25 30

gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc 144
 Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
 35 40 45

acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct 192
 Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
 50 55 60

ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc 240

Leu	Ala	Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Met	Asn	Pro	Phe	His	Val	Leu	Leu	Ile		
65					70					75						80	
gtg	ctc	gct	tat	ttg	gtc	acg	gtc	ttt	gtg	ggc	atg	cag	atc	atg	aag	288	
Val	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Thr	Val	Phe	Val	Gly	Met	Gln	Ile	Met	Lys		
				85					90					95			
aac	ttt	gag	cgg	ttc	gag	gtc	aag	acg	ttt	tcg	ctc	ctg	cac	aac	ttt	336	
Asn	Phe	Glu	Arg	Phe	Glu	Val	Lys	Thr	Phe	Ser	Leu	Leu	His	Asn	Phe		
			100					105					110				
tgt	ctg	gtc	tcg	atc	agc	gcc	tac	atg	tgc	ggc	ggg	atc	ctg	tac	gag	384	
Cys	Leu	Val	Ser	Ile	Ser	Ala	Tyr	Met	Cys	Gly	Gly	Ile	Leu	Tyr	Glu		
		115					120					125					
gct	tat	cag	gcc	aac	tat	gga	ctg	ttt	gag	aac	gct	gct	gat	cat	acc	432	
Ala	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Gly	Leu	Phe	Glu	Asn	Ala	Ala	Asp	His	Thr		
	130					135					140						
ttc	aag	ggc	ctt	cct	atg	gcc	aag	atg	atc	tgg	ctc	ttc	tac	ttc	tcc	480	
Phe	Lys	Gly	Leu	Pro	Met	Ala	Lys	Met	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Phe	Ser		
145				150					155					160			
aag	atc	atg	gag	ttt	gtc	gac	acc	atg	atc	atg	gtc	ctc	aag	aag	aac	528	
Lys	Ile	Met	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Met	Ile	Met	Val	Leu	Lys	Lys	Asn		
			165					170					175				
aac	cgc	cag	atc	tcc	ttc	ttg	cac	gtt	tac	cac	cac	agc	tcc	atc	ttc	576	
Asn	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Phe		
		180						185					190				
acc	atc	tgg	tgg	ttg	gtc	acc	ttt	gtt	gca	ccc	aac	ggc	gaa	gcc	tac	624	
Thr	Ile	Trp	Trp	Leu	Val	Thr	Phe	Val	Ala	Pro	Asn	Gly	Glu	Ala	Tyr		
		195				200					205						
ttc	tct	gct	gcg	ttg	aac	tcg	ttc	atc	cat	gtg	atc	atg	tac	ggc	tac	672	
Phe	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Ile	His	Val	Ile	Met	Tyr	Gly	Tyr		
	210					215					220						
tac	ttc	ttg	tcg	gcc	ttg	ggc	ttc	aag	cag	gtg	tcg	ttc	atc	aag	ttc	720	

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
 225 230 235 240

tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag 768
 Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
 245 250 255

tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac 816
 Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
 260 265 270

ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc 864
 Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
 275 280 285

ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag 912
 Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
 290 295 300

gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa 957
 Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
 305 310 315

<210> 30
 <211> 318
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina

<400> 30
 Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
 1 5 10 15
 Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
 20 25 30
 Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
 35 40 45
 Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro

50	55	60
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile		
65	70	75 80
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys		
	85	90 95
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe		
	100	105 110
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu		
	115	120 125
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr		
	130	135 140
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser		
	145	150 155 160
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn		
	165	170 175
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe		
	180	185 190
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr		
	195	200 205
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr		
	210	215 220
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe		
	225	230 235 240
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln		
	245	250 255
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr		
	260	265 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
 275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
 290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
 305 310 315

<210> 31

<211> 1374

<212> DNA

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 31

atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg 48
 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu
 1 5 10 15

aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc 96
 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
 20 25 30

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtt cgc gag ttc gtc cct 144
 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
 35 40 45

gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc 192
 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
 50 55 60

act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt 240
 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu

65	70	75	80	
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag				288
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys				
	85	90	95	
aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag				336
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln				
	100	105	110	
tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc				384
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val				
	115	120	125	
tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag				432
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys				
	130	135	140	
tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg				480
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu				
	145	150	155	160
ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat				528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His				
	165	170	175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc				576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe				
	180	185	190	
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg tgg aag gac aag				624
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys				
	195	200	205	
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac				672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp				
	210	215	220	
att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg				720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met				

225	230	235	240	
ttc tcg gat gtc cca gat gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgt ttc				768
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe				
	245	250	255	
atg gtc ctg aac cag acc tgg ttt tac ttc ccc att ctc tcg ttt gcc				816
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala				
	260	265	270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc att ctc ttt gtg ctg cct aac ggt				864
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly				
	275	280	285	
cag gcc cac aag ccc tcg ggc gcg cgt gtg ccc atc tcg ttg gtc gag				912
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu				
	290	295	300	
cag ctg tcg ctt gcg atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc				960
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe				
305	310	315	320	
ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg				1008
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser				
	325	330	335	
cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac				1056
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His				
	340	345	350	
aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc				1104
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe				
	355	360	365	
ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt				1152
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe				
	370	375	380	
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg				1200
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu				

385	390	395	400
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc 1248 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val 405 410 415			
gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg 1296 Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met 420 425 430			
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag 1344 Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys 435 440 445			
gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa 1374 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln 450 455			
<210> 32 <211> 457 <212> PRT <213> Mortierella alpina			
<400> 32 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu 1 5 10 15 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe 20 25 30 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro 35 40 45 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly 50 55 60 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu 65 70 75 80			

Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys
85 90 95

Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
115 120 125

Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys
130 135 140

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
145 150 155 160

Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
165 170 175

His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
180 185 190

Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
195 200 205

His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
210 215 220

Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
225 230 235 240

Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
245 250 255

Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
260 265 270

Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly
275 280 285

Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu

290	295	300
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe 305	310	315 320
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser 325	330	335
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His 340	345	350
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe 355	360	365
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe 370	375	380
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu 385	390	395 400
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val 405	410	415
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met 420	425	430
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys 435	440	445
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln 450	455	

<210> 33

<211> 3598

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 33

tcgcgcggttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcgggtg tcggggctgg cttactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggccc tcttcgctat 300
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattgtt 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gattttgcaa tacttttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

taattttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140
gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200
gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcatatcct taccgccggt ttcggttcatt 1260
tctaataaat atatcaccgc ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320
tactgattgt ccgtcgacga attcgagctc ggcgcgccaa gcttggcgta atcatggta 1380
tagctgtttc ctgtgtgaaa ttgttatccg ctcaaatc cacaacaat acgagccgga 1440
agcataaagt gtaaagcctg gggcgccaa tgagtgcgt aactcacatt aattgcgttg 1500
cgctcactgc ccgctttcca gtcgggaaac ctgctgtgcc agctgcatta atgaatcggc 1560
caacgcgcgg ggagaggcgg tttgcgtatt gggcgctctt ccgcttcctc gctcactgac 1620
tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa ggcggtaata 1680
cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa 1740
aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct ccgccccct 1800
gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggactataa 1860
agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctgctgcgct ctctgttcc gaccctgccg 1920
cttaccggat acctgtccg ctttctcct tcgggaagcg tggcgcttcc tcatagctca 1980
cgctgtaggt atctcagttc ggtgtaggtc gttcgtcca agctgggctg tgtgcacgaa 2040
cccccgctc agcccgaccg ctgcgcctta tccgtaact atcgtcttga gtccaaccg 2100
gtaagacacg acttatcgcc actggcagca gccactggta acaggattag cagagcgagg 2160
tatgtaggcg gtgctacaga gttcttgaag tgggtggccta actacggcta cactagaagg 2220
acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag ccagttacct tcggaaaaag agttggtagc 2280

tcttgatccg gcaaacaac caccgctggt agcgggtggt tttttgttg caagcagcag 2340
attacgcgca gaaaaaagg atctcaagaa gatcctttga tcttttctac ggggtctgac 2400
gctcagtgga acgaaaactc acgttaaggg attttgggtca tgagattatc aaaaaggatc 2460
ttcacctaga tcctttttaa ttaaaaatga agtttttaaat caatctaaag tatatatgag 2520
taaacttggt ctgacagtta ccaatgctta atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt 2580
ctatttcgtt catccatagt tgctgactc cccgtcgtgt agataactac gatacgggag 2640
ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg ataccgcgag acccacgctc accgggtcca 2700
gatttatcag caataaacca gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact 2760
ttatccgcct ccatccagtc tattaattgt tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca 2820
gttaatagtt tgcgcaacgt tgttgccatt gctacaggca tcgtggtgtc acgctcgtcg 2880
tttggtatgg cttcattcag ctccggttcc caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc 2940
atgttgtgca aaaaagcggg tagctccttc ggtcctccga tcgttgtcag aagtaagttg 3000
gccgcagtgt tatcactcat ggttatggca gactgcata attctcttac tgtcatgcca 3060
tccgtaagat gcttttctgt gactggtgag tactcaacca agtcattctg agaatagtgt 3120
atgcggcgac cgagttgctc ttgcccgcg tcaatacggg ataataccgc gccacatagc 3180
agaactttaa aagtgtcat cattggaaaa cgttcttcgg ggcgaaaact ctcaaggatc 3240
ttaccgctgt tgagatccag ttcgatgtaa cccactcgtg cacccaactg atcttcagca 3300
tcttttactt tcaccagcgt ttctgggtga gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa 3360
aagggaataa gggcgacacg gaaatgttga atactcatac tcttcctttt tcaatattat 3420
tgaagcattt atcagggtta ttgtctcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa 3480

aataaacaaa taggggttcc ggcacacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ctttcgtc 3598

<210> 34

<211> 3590

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 34

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcggggc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agtcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

tttttgcctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattggt 720

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcattg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
taattttctt atagccagcg gatccgatat cgggcccgt agcgtaacc ctgctttaat 1140
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260
atataatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320
gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgccg aagcttggcg taatcatggt catagctggt 1380
tcctgtgtga aattgttatc cgctcacaat tccacacaac atacgagccg gaagcataaa 1440
gtgtaaagcc tggggtgcct aatgagtgag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact 1500
gcccgtttc cagtcgggaa acctgtcgtg ccagctgcat taatgaatcg gccaacgcgc 1560
ggggagaggc ggtttgcgta ttgggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgcg 1620
ctcggtcggt cggtcgccg gagcggtatc agctcactca aaggcggtta tacggttatc 1680
cacagaatca ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag 1740
gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcggt ttccatagg ctccgcccc ctgacgagca 1800
tcacaaaaat cgacgtcaa gtcagaggtg gcgaaaccg acaggactat aaagatacca 1860
ggcgtttccc cctggaagct ccctcggtcg ctctctgtt ccgaccctgc cgcttaccgg 1920

atacctgtcc gcctttctcc cttcggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgtag 1980
gtatctcagt tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aacccccct 2040
tcagcccgac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggtaaagaca 2100
cgacttatcg cactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg 2160
cgggtgtaca gagttcttga agtgggtggc taactacggc tacactagaa ggacagtatt 2220
tggtatctgc gctctgctga agccagttac cttcggaata agagttggta gctcttgatc 2280
cggcaataaa accaccgtg gtagcggtag ttttttgggt tgcaagcagc agattacgcg 2340
cagaaaaaaaa ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acggggtctg acgctcagtg 2400
gaacgaaaac tcacgttaag ggattttggt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta 2460
gatcctttta aattaaaaat gaagtttta atcaatctaa agtatatatg agtaaacttg 2520
gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg 2580
ttcatccata gttgcctgac tcccgcgtg gtagataact acgatacggg agggccttacc 2640
atctggcccc agtgctgcaa tgataccgcg agaccacgc tcaccggctc cagatttatc 2700
agcaataaac cagccagccg gaagggccga gcgcagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc 2760
ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag 2820
tttgcgcaac gttgttgcca ttgctacagg catcgtgggtg tcacgctcgt cgtttggtat 2880
ggcttcattc agctccggtt cccaacgatc aaggcgagtt acatgatccc catgtttgtg 2940
caaaaaagcg gttagctcct tcggctctcc gatcgttgct agaagtaagt tggccgcagt 3000
gttatcactc atggttatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaag 3060
atgcttttct gtgactgggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg 3120

accgagttgc tcttgcccg cgtcaatacg ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180
aaaagtgtc atcattggaa aacgtttctt ggggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240
gttgagatcc agttcgatgt aaccactcg tgcacccaac tgatcttcag catcttttac 3300
tttaccagc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaagggaat 3360
aaggcgaca cggaatgtt gaatactcat actcttcctt tttcaatatt attgaagcat 3420
ttatcagggt tattgtctca tgagcgata catatttgaa tgtatttaga aaaataaaca 3480
aataggggtt ccgcgcacat tccccgaaa agtgccacct gacgtctaag aaaccattat 3540
tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg ccctttcgtc 3590

<210> 35

<211> 3584

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 35

tcgcgcgttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccc tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
accatatgcy gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300
tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttgaga ttaattggt 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
agacaacaat gtaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgcc tgtggaaagt 900
ttaaaaaat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
taattttctt atagccagca gatctgccg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140
gagatatgcy agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggatcatagc tgtttcctgt 1380
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440
agcctggggg gcctaagag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgccccg 1500
tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcgccaac gcgcggggag 1560

aggcggtttg cgtattgggc gctcttccgc ttctctcgctc actgactcgc tgcgctcggg 1620
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga 1680
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca 1800
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcggt 1860
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttccgacc ctgccgctta ccggatacct 1920
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980
cagttcggtg taggtcgttc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100
atgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtg 2160
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280
acaaaccacc gctggtagcg gtgggttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgcagaaa 2340
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400
aaactcacgt taagggattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttgggtctga 2520
cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580
catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640
ccccagtgtc gcaatgatac cgcgagacc acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat 2700
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760

ccagtctatt aattgttgcc ggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880
attcagctcc ggttcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940
agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000
actcatgggt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
ttgtctttgc ccggcgtaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180
gtcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240
atccagttcg atgtaacca ctctgtcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
cagcgtttct gggtgagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360
gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtc 3584

<210> 36

<211> 4507

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 36

tgcgcgcttt cggatgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacgggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcggttg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggccc tcttcgctat 300
tacgccagct ggcgaaaagg ggatgtgctg caaggcgatt aagttgggta acgccagggt 360
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcgccg agctcctcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgttttt gttttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgcaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatctc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaattggt 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900
ttaaaaaat tttggaaatg atttgcatgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gatattgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
taattttctt atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140
gctttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt 1200

gcacgttgta aaaaacctga gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat 1260
tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ctttgtaatt 1380
tgtttttggt ttactatgtg tgttatgtat ttgatttgcg ataaatTTTT atatttggt 1440
ctaaatttat aacacctttt atgctaactg ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat 1500
taattgattc taaattattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa 1560
atatttgcta atatttctac tataggagaa ttaaagtgag tgaatatggt accacaaggt 1620
ttggagattt aattggtgca atgctgcatg gatggcatat acaccaaaca ttcaataatt 1680
cttgaggata ataatggtac cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa 1740
ggtttagtaa tttttcaaga caacaatgtt accacacaca agttttgagg tgcatgcatg 1800
gatgccctgt ggaaagttaa aaaatatttt ggaaatgatt tgcatggaag ccatgtgtaa 1860
aaccatgaca tccacttgga ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact 1920
agttatgcat gtagtctata taatgaggat tttgcaatac tttcattcat acacactcac 1980
taagttttac acgattataa tttcttcata gccagcggat ccgatatcgg gcccgttagc 2040
gttaaccctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat cgcgatgat ttgctttcaa 2100
ttctgtgtg cagttgtaa aaaacctgag catgtgtagc tcagatcctt accgccggtt 2160
tcggttcatt ctaatgaata tatcacccgt tactatcgta tttttatgaa taatattctc 2220
cgttcaattt actgattgtc cgtcgacgaa ttcgagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa 2280
tcatggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tggtatccgc tcacaattcc acacaacata 2340
cgagccggaa gcataaagtg taaagcctgg ggtgcctaata gagtgagcta actcacatta 2400

attgcgttgc gctcactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgcgtgccca gctgcattaa 2460
tgaatcggcc aacgcgcggg gagaggcggg ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttctctg 2520
ctcactgact cgctgcgctc ggctgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcaactcaaag 2580
gcggtataac ggttatccac agaatacagg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640
ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcggtttt ccataggctc 2700
cgccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agagggtggcg aaacccgaca 2760
ggactataaa gataccaggc gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tctgttccg 2820
accctgccgc ttaccggata cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 2880
catagctcac gctgtaggta tctcagttcg gtgtaggtcg ttogctccaa gctgggctgt 2940
gtgcacgaac cccccgtca gcccgaccgc tgcgccttat ccggtacta tcgtcttgag 3000
tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccaactggtaa caggattagc 3060
agagcgaggt atgtaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac 3120
actagaagga cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 3180
gttggtagct cttgatccgg caaacaacc accgctggta gcggtgggtt tttgtttgc 3240
aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg 3300
gggtctgacg ctcaagtggaa cgaaaactca cgtaaggga ttttggatcat gagattatca 3360
aaaaggatct tcacctagat ctttttaaataaaaaatgaa gtttttaaatc aatctaaagt 3420
atatatgagt aaacttggtc tgacagttac caatgcttaa tcagtgaggc acctatctca 3480
gggatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgta gataactacg 3540
atacgggagg gcttaccatc tggccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600

ccggctccag atttatcagc aataaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtggc 3660
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattggt gccgggaagc tagagtaagt 3720
agttcgccag ttaatagttt ggcgaacggt gttgccattg ctacaggcat cgtgggtgtca 3780
cgctcgtcgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca 3840
tgatcccca tgttgtgcaa aaaagcgggt agtccttcg gtctccgat cgttgtcaga 3900
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact 3960
gtcatgccat ccgtaagatg cttttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga 4020
gaatagtgtg tgcggcgacc gagttgctct tgcccggcgt caatacggga taataccgcg 4080
ccacatagca gaactttaaa agtgcctcctc attggaaaac gttcttcggg gcgaaaactc 4140
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac ccactcgtgc acccaactga 4200
tcttcagcat cttttacttt caccagcgtt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat 4260
gccgcaaaaa aggaataag ggcgacacgg aaatgttgaa tactcatact cttccttttt 4320
caatattatt gaagcattta tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt 4380
atttagaaaa ataaacaaat aggggttccg cgcacatttc cccgaaaagt gccacctgac 4440
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggccc 4500
tttcgtc 4507

<210> 37

<211> 5410

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 37

ttttggaaat gatttgcacg gaagccatgt gtaaaacccat gacatccact tggaggatgc 60
aataatgaag aaaactacaa atttacatgc aactagttat gcatgtagtc tatataatga 120
ggattttgca atactttcat tcatacacac tcactaagtt ttacacgatt ataatttctt 180
catagccagc ggatccgata tcgggcccgc tagcggttaac cctgctttaa tgagatatgc 240
gagacgccta tgategcacg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc 300
tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgcc ggtttcgggt cattctaagt aatatatcac 360
ccgttactat cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttggtttt gttttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatattg gtactaaatt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600
tttttgctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga ttttaattgtt 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaagggttag taatttttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagttttg aggtgcatgc atggatgccc tgtggaaagt 900
ttaaaaatat tttggaaatg atttgcacgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatagaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtagtct 1020
atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080

taatttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1260
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1320
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggcatagc tgtttcctgt 1380
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440
agcctggggg gcctaataag tgagctaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc 1500
ttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac gcgcggggag 1560
aggcggtttg cgtattgggc gctcttcgc ttctcgcctc actgactcgc tgcgctcgg 1620
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacgg 1680
atcaggggat aacgcaggaa agaactgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740
taaaaaggcc gcgttgctgg cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca 1800
aatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcgtt 1860
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tgttcgacc ctgccgtta ccggatacct 1920
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980
cagttcgggtg taggtcgttc gtcceaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcggtgc 2160
tacagagttc ttgaagtggg ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa 2280

acaaaccacc gctggtagcg gtgggtttttt tgtttgcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggaacga 2400
aaactcacgt taagggattt tggatcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaataaat ctaaagtata tatgagtaaa cttgggtctga 2520
cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcac 2580
catagttgcc tgactccccg tcgtgtagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640
ccccagtgc gcaatgatac cgcgagacc acgctcaccg gctccagatt tatcagcaat 2700
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgag aagtggctct gcaactttat ccgcctccat 2760
ccagtctatt aattgttgcc gggaagctag agtaagtagt tcgccagtta atagtttgcg 2820
caacgttggt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgtttg gtatggcttc 2880
attcagctcc gggtcccaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940
agcggtagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatc 3000
actcatgggt atggcagcac tgcataatc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060
ttctgtgact ggtgagtact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
ttgtcttgc ccggcgtaaa tacgggataa taccgcgcca catagcagaa ctttaaaagt 3180
gctcatcatt ggaaaacgtt cttcggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240
atccagttcg atgtaacca ctctgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
cagcgtttct gggtagcaaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataagggc 3360
gacacggaaa tgttgaatac tcatactctt cttttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480

ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtctcgcgc gtttcggtga 3600
tgacggtgaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaagc 3660
ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgcgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720
ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgcggtgtga 3780
aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcatcagg cgccattcgc cattcaggct 3840
gcgcaactgt tgggaagggc gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900
agggggatgt gctgcaaggc gattaagttg ggtaacgcc a gggttttccc agtcacgacg 3960
ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaa at ttacacattg 4020
ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg 4080
atttgcgata aatttttata tttggtacta aatttataac accttttatg ctaacgtttg 4140
ccaacactta gcaatttgca agttgattaa ttgattctaa attatttttg tcttctaaat 4200
acatatacta atcaactgga aatgtaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260
aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg gagattta at tgttgcaatg ctgcatggat 4320
ggcatataca ccaaacattc aataattctt gaggataata atggtaccac acaagatttg 4380
aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc 4440
acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat gccctgtgga aagtttaaaa atatttttga 4500
aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaac catgacatcc acttgaggga tgcaataatg 4560
aagaaaacta caaat ttaca tgcaactagt tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt 4620
gcaatacttt cattcataca cactcactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680

agcccaccgc ggtgggcggc cgcctgcagt ctagaaggcc tcctgcttta atgagatatg 4740
cgagacgcct atgatcgcat gatatttgct ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaac 4800
ctgagcatgt gtagctcaga tccttaccgc cggtttcggg tcattctaata gaatatatca 4860
cccgttacta tcgtattttt atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920
agcaaattta cacattgccca ctaaacgtct aaacccttgt aatttgtttt tgttttacta 4980
tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040
ttttatgcta acgtttgccca acacttagca atttgcaagt tgattaattg attctaaatt 5100
atttttgtct tctaaataca tataactaatc aactggaaat gtaaataattt gctaataattt 5160
ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tggtagcaca aggtttggag atttaattgt 5220
tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattcttgag gataataatg 5280
gtaccacaca agatttgagg tgcataaacg tcacgtggac aaaagggtta gtaatttttc 5340
aagacaacaa tgttaccaca cacaagtttt gaggtgcatg catggatgcc ctgtggaaag 5400
tttaaaaata 5410

<210> 38

<211> 12093

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 38

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120

tagtgggaggc tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgtt ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720
gcgaggcggg ttttccggcc ggggacgccc tcaatgcgtt gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tcggggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
ccggtccgga cgcagcgctc gagcagggaac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgcg tacgggcttt ttcattgcct gcctagcgt 1140
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgcttc tgccgctctt ccgcttcctc 1200
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccaccgcg gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
aacggccggg ggtgcgcggt gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcggg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcggc gttgtggata 2460
cctcgcgga aacttgccc tcactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520

cgactcaccc ggcgcgccgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgcccgttt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgccct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccctt tctgaaccc tcccgcccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc 3000
tgcgccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggcgccctg cccttcactt cggcgcgtcg ggcattcacg gacttcattg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggt ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920

gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatoga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTTg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tctgtcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg ttttccgccc aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctggaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120

ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtag gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctgggtg gaacacgcct ggggtcaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggta gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgtt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctt gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggctt tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agccgaaca gcgaggccga 7320

ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcggtt ccggcggggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattcttca tcctcggcgc acttaatat 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatccgat gctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgc actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcacccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctc gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520

gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgcccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaaac tggcgagaaa 8940
ggaagggag aaagcgaaag gagcgggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt taaatattt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaa 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720

gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtgggc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatccct 10500
ggccatcag atccttgcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gttcccaac 10560
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggctttc tacgtgttcc gcttccctta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggctgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa ccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920

tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc t aatatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggttt cggttcattc taatgaatat 11700
atcaccggtt actatcgtat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
gtcgacgaat tcgagctcgg cggcctcta gaggatcgat gaattcagat cggctgagtg 11820
gtccttcaa cgttgcggtt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgtc ccgcgtcatc 11880
ggcgggggtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgctcat gatcagattg tcgtttcccg 11940
ccttcagttt aaactatcag tgtttgacag gatataattgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000
gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aagggcgtga aaaggtttat ccttcgtcca 12060
tttgatatgtg catgccaacc acagggttcc cca 12093

<210> 39

<211> 12085

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 39

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120
tagtggggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgtt ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggtt ggggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcggggcg tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttctct 720
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtcgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcgt tgcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140

ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgcttc tggcgctctt ccgcttctc 1200

gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260

ggcggttaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380

ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaaccgac 1440

aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc 1500

gaccctgccg cttaccgat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560

ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620

tgcacgata tacaggattt tgcaaaggg ttcgtgtaga ctttcttggt tgtatccaac 1680

ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740

ctgtccctta ttcgcacctg ggggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800

ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860

agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgagaaa 1920

agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980

aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040

tgggcccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcggt 2100
tcggtgatgc cagcatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
aacggccggg gggtgcgctg gattgccaag cacgtcccca tgcgtccat caagaagagc 2280
gacttcgctg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggccttttgc 2340
gacgtcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460
cctcgcggaa aacttgcccc tcaactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcacc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgccggtt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaacct tcccggccc ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
tgcgccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggcggcctg ccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240

cggggcccggc aatTTTTtacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480

tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600

tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660

attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780

gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840

gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca ggggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900

cgtaaagggt tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccca 3960

atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020

gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080

tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140

cgtgttgagg ccaacgccc taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200

catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260

ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320

acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380

agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440

tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggc cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtgggtat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTTg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctgggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cggccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640

ggcaccagggc ggggtcaaadc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcggggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgctg tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgctc gatattgctc cgtggccgga cacgatgca gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactgggtg ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
ggccccgacg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggatcc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggggtcaatga 6840

tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatt 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtccggctcg cagcgggcct ggcgggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcgccgga ggacttctgc tcgttcagt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040

aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
cggttttata cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga 8280
tcatcogtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggctg gggagctggt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcgggtcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca ggggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240

tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcggggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcca tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccc cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg ccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccccg 10440

gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
gcggtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggc actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc taaatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatgga ccacacaaga 11220
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520
agccagcgga tccgatatcg ggcccgtag cgttaaccct gctttaatga gatatgcgag 11580
acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640

gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggt ttcggttcat tctaataat atatcaccog 11700
ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
attcgagctc ggcgcgctc tagaggatcg atgaattcag atcggctgag tggctccttc 11820
aacgttgccg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgcgtca tcggcggggg 11880
tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgtcgtttcc cgccttcagt 11940
ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa cctaagagaa aagagcggtt 12000
attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaagggtt atccttcgtc catttgtatg 12060
tgcattgcaa ccacagggtt cccca 12085

<210> 40

<211> 12079

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 40

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120
tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcgggcgga 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tcggggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccg agcagccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttctc 1200
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcccga gcggtatcag ctcaactcaa 1260
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctcgtgcgct ctctgttcc 1500
gaccctgccg cttaccgat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620

tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggcccgcatc aatggcgacc 2040
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
cctcgcggaa aacttgcccc tctactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcacc ggcgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820

ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tcccgccccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
tgcgccccct gcccggaac ggccctaccc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcacgcacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgaggcg 3180
gcggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcattgact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgtggc 4020

gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcccc taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcgggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcggctccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aagggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggc cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220

gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gagggccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgttggtat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cggccagacg gtctacggga ccgacttcac tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc ggggtcaaac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga ggggtgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttcacgt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcgggcg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctcgaaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420

ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgcccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccggtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggg gaacacgcct gggatcaatga 6840
tgacctggg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gtcacagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgctc gctgaacggg tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcg acttaattatt 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggagg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgctc gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttcggaa ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcagat agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccgggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata ggcgcactca gcttcctcag 8100
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagtcc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgcccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820

tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cttcagggt gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tccttccccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctggtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020

ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacggt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatagatc ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gttcccaac 10560
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttct tacgtgttcc gcttcttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcatacctg caggctgacg gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggc actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatgga ccacacaaga 11220

tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagcaga tctgccggca tcgatcccg gccatggcct gctttaatga gatatgagag 11580
acgcctatga tcgcatgata tttgctttca attctgttgt gcacgttgta aaaaacctga 11640
gcatgtgtag ctcagatcct taccgccggg ttcggttcat tctaataatg atatcaccgg 11700
ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggc tgagtggctc cttcaacggt 11820
ggggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccg gcacatcggcg ggggtcataa 11880
cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac agattgtcgt ttcccgctt cagtttaaac 11940
tatcagtgtt tgacaggata tattggcggg taaacctaag agaaaagagc gtttattaga 12000
ataatcggat atttaaaagg gcgtgaaaag gtttatcctt cgtccatttg tatgtgcatg 12060
ccaaccacag ggttcccca 12079

<210> 41

<211> 13002

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 41

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcc 120

tagtggggcg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgtt ggtccgattg aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660

ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgcccgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggtcgtt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140

ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggcggccttc tggcgctctt ccgcttctc 1200

gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260

ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380

ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440

aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgct ctctgttcc 1500

gacctgccc cttaccgat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560

ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620

tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680

ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740

ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800

ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860

agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920

agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980

aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c aatggcgacc 2040

tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcacca cgacccgcgc acggcgcggt 2100

tcggtgatgc cagatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160

gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220

aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280

gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcctttgc 2340

gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
cctcgcgga aacttgcccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcttgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaaggggtt 2820
ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt ttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tcccgcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
ggggcctggg tggcggcctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcggtt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata ggggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatagc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcccc taatgcgggc tgttgccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atactactaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggatatata agctggtggg agaaaatgaa 4740

aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTtg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTtg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc ggtcaaatac aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga ggtgaaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccg aggatgccga aaccatcga agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa acctccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacggccg ccgtggagcg 5940

ttcgcgtcgt ctccaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgac accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtg ctgcaccgt tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgcgccgac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttcgc ctcattgtgc gatcggattc caccgcgctg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct ggttcaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggctca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgt ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca ctgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140

cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatat 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggggcg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagt 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt cttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttctcag 8100
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctggctgg 8460
tggcaggata tatttggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtgggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagataggtg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaa cggcggaacg tggcgagaaa 8940
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcgggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa aggggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag ccatttcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540

ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcacatgac ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gcccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680
ttcccttgct cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
gcgtgaagct tgcattgcctg caggctgcag gcgcgccgag ctctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt cttaaattatt ttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg ttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgagggtc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcggtggg cggccgctg cagtctagaa ggccctctgc tttaatgaga 11580
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggtt cggttcattc taatgaatat 11700
atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
gtcgagcaaa ttacacatt gccactaac gtctaaaccc ttgtaatttg tttttgtttt 11820
actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttggtact aaatttataa 11880
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940

aattattttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaat atttgctaatt 12000
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgaggtg catgcatgga tgcctgtgg 12240
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
cacttgagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc ccgctagcgt taaccctgct 12480
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttggtgca 12540
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccgggttc ggttcattct 12600
aatgaatata tcaccggtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcggc gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc 12720
ggctgagtg ctccttcaac gttgcgggtc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttggtc 12780
cgcgatcatg gcgggggtca taacgtgact cccttaattc tccgctcatg atcagattgt 12840
cgtttccgc cttcagttta aactatcagt gtttgacagg atatattggc gggtaaacct 12900
aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatc 12960
cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002

<210> 42

<211> 13905

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 42

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60
gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120
tagtggggcg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180
ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300
ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgaataa gtgtcaagca 360
tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggtcg 420
gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacggtt ggggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660
ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720
gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcgcca 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgcgggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggac tcgcggtgat tgatgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccgc tacgggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140
ccaagcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgtcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctcct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgtgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcac c atggcgacc 2040
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
tcggtgatgc cacgacctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220

aacggccggg ggggtgcgct gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccgc gttgtggata 2460
cctcgcgga aacttgccc tctactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcacc ggcgcgcgct tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgccgttt ttcgccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt ttttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccctt tctgaacct tcccgcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
tgcgccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgcgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
ggggcctggg tggcggcctg cccttcaact cgccgctcg ggcatcacg gacttcatgg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggg gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggt ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt cgtccaccgc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgctatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcgggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620

taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggtcttttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtagaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgttttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cggccagacg gtctacggga ccgaactcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgaagga gggTgaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820

gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggccgacgg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgctc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcggac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttcgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cgcggaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020

ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggg tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgcgc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcggggt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaattatt 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcattc ctgccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctgttg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcgggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttcaggt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttcggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcgga cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctggt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaaacg tggcgagaaa 8940
ggaaggggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
ggattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420

tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg ccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcgcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgac ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620

gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680
ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggctttc tacgtgttcc gcttcttcta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgccgag ctctctgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggctctctgc tttaatgaga 11580
tatgagagac gcctatgatc gcatgatatt tgctttcaat tctgttgtgc acgttgtaaa 11640
aaacctgagc atgtgtagct cagatcctta ccgccggttt cggttcattc taatgaatat 11700
atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gtccaattta ctgattgtcc 11760
gtcgagcaaa ttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgtaatttg tttttgtttt 11820

actatgtgtg ttatgtattt gatttgcgat aaatttttat atttgggtact aaatttataa 11880
caccttttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940
aattatTTTT gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaat atttgctaata 12000
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggtac cacaagggtt ggagatttaa 12060
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatg aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag ttttgagggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240
aaagtttaaa aatatttttg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
cacttgaggg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360
agtctatata atgaggattt tgcaatactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420
gattataatt tcttcatagc cagcggatcc gatatcgggc cgcctagcgt taaccctgct 12480
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gctttcaatt ctgttgtgca 12540
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgtagctc agatccttac cgccggtttc ggttcattct 12600
aatgaatata tcacccgtta ctatcgtatt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
tgattgtccg tcgagcaaata ttacacattg ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aatttttata tttggtacta 12780
aatttataac accttttatg ctaacgttg ccaacactta gcaatttgca agttgattaa 12840
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatacta atcaactgga aatgtaaata 12900
tttgctaata tttctactat aggagaatta aagtgagtga atatggtacc acaaggtttg 12960
gagatttaata tgttgcaatg ctgcatggat ggcatataca ccaaacattc aataattctt 13020

gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcatga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080
ttagtaatth ttcaagacaa caatgttacc acacacaagt tttagaggtgc atgcatggat 13140
gccctgtgga aagtttaaaa atattttgga aatgatttgc atggaagcca tgtgtaaaaac 13200
catgacatcc acttggagga tgcaataatg aagaaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260
tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcatata cactcactaa 13320
gttttacacg attataatth cttcatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccggggcca 13380
tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttg ctttcaattc 13440
tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgtagctca gatccttacc gccggtttcg 13500
gttcattcta atgaatatat caccggttac tatcgatth ttatgaataa tattctccgt 13560
tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggcgcgccctc tagaggatcg atgaattcag 13620
atcggtcgag tggctccttc aacgttgagg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg 13680
tcccgcgta tcggcggggg tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgacagat 13740
tgtcgtttcc cgccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa 13800
cctaagagaa aagagcgth attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaaggtth 13860
atccttcgct catttgatg tgcatgcaa ccacagggtt cccca 13905

<210> 43

<211> 15430

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit zwei Promotor-
Terminator-Expressionskassetten inseriert ist

Physcomitrella patens Elongase und Desaturase

<220>

<221> CDS

<222> (11543)..(12415)

<220>

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<400> 43

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgccca 120

tagtgggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660

ccggcacgcy accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttccctt 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgccg tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggtc gagcagggac tcgcggtgat tgcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggctcgt tgcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caaccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
ccaagcctca cggccgcgt cgccctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200
gctcactgac tcgctgcgt cggtcggtcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgtcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgcgt ctctgttcc 1500
gacctgccg cttaccgat acctgtcgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgtgcata acctgcctt ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccctctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttcttggt tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttcgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
agggggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtctaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcctc aatggcgacc 2040
tgggccgcct gggcggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100

tcggtgatgc cacgatactc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160
gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
aacggccggg ggggtgcggt gattgccaaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg cctcgcgcgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacacgc gcccgccggc gttgtggata 2460
cctcgcggaa aacttgccc tcactgacag atgagggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactacccc ggcgcgcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgagg ggcgcactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat cttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttggt ttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaacct tcccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccaggggc 3000
tgccccctc ggccgcgaac ggctcacc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggcggcctg ccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcatata gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag cccactgtt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgcccggtg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt cggcggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500

aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg atttttttaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatttta 5400
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc ggtcaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700

cccgcgaagga ggggtgaatga atcgggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcggggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgctgc 5820
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggctag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca ccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
ggccccgacg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcaact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgcgc gtatgctgct gcgggcggtt ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaattatt 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcattc ctgccgctc gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggc cctgggggct atttgcgga ctgcgggcgt ggcgctggtg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggccggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggactttctc tcgttcagt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttctt tggttcggg ggatctcgc actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggt agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttcctcag 8100

cggttttattc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtgggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520
gacgttttta atgtactggg gtggtttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggg tgagtgttgt tccagtttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgga 8880
ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggagc cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000
gatcgggtcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaataatt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300

tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaa 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgcccoggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcacccga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatcaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtggagcat ttttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcctatgac ttgatccct 10500

gcgccatcag atccttgggc gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gttcccaac 10560
 cttaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680
 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
 actggctttc tacgtgttcc gtttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgga 10800
 gcgtgaagct tgcattgctg caggtcgacg gcgcgcggag ctctcgagc aaatttacac 10860
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980
 tttgccaaca ctttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
 ttttgaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520
 agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu
 1 5 10
 ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620

Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe	
15 20 25	
ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
30 35 40	
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
45 50 55	
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
60 65 70	
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
75 80 85 90	
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
95 100 105	
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
110 115 120	
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
125 130 135	
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
140 145 150	
caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
155 160 165 170	
tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100

Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser
 175 180 185

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
 Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
 190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
 205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
 220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
 235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
 255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
 270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgcttt 12435
 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
 285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccggttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795
 gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaataatt 12855
 tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga 12915
 gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975
 ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035
 agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095
 cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaat tgatttgcac ggaagccatg tgtaaaacca 13155
 tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215
 tgcattgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275
 tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330
 Met Val Phe Ala Gly Gly
 295
 gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378
 Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile
 300 305 310
 gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426
 Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr
 315 320 325
 gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474
 Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr
 330 335 340 345
 agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522
 Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala
 350 355 360
 gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala	
365	370 375
gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys	
380	385 390
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp	
395	400 405
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala	
410	415 420 425
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp	
430	435 440
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile	
445	450 455
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro	
460	465 470
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu	
475	480 485
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr	
490	495 500 505
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys	
510	515 520
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050

Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe	
525 530 535	
caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt	14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe	
540 545 550	
gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc	14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala	
555 560 565	
gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat	14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His	
570 575 580 585	
cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa	14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu	
590 595 600	
gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc	14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala	
605 610 615	
aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg	14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu	
620 625 630	
ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg	14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp	
635 640 645	
agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg	14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu	
650 655 660 665	
ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca	14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr	
670 675 680	
gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg	14530

Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val
685 690 695

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578
Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser
700 705 710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626
His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala
715 720 725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674
Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp
730 735 740 745

ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722
Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
750 755 760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770
Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe
765 770 775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818
Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly
780 785 790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866
Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala
795 800 805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgta accctgcttt aatgagatat 14920
Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
810 815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg ttagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040

accggttact atcgatattt tatgaataat attctccgtt caatttactg attgtccgtc 15100

gaggaattcg agctcggcgc gcctctagag gatcgatgaa ttcagatcgg ctgagtggct 15160
 ccttcaacgt tgcggttctg tcagttccaa acgtaaaacg gcttgtcccg cgtcacggc 15220
 gggggtcata acgtgactcc cttaattctc cgctcatgat cagattgtcg tttcccgct 15280
 tcagtttaaa ctatcagtgt ttgacaggat atattggcgg gtaaacctaa gagaaaagag 15340
 cgtttattag aataatcgga tatttaaaag ggcgtgaaaa ggtttatcct tcgtccattt 15400
 gtatgtgcat gcccaaccaca gggttcccca 15430

<210> 44

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 44

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
 1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
 20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
 35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
 50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
 85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
 100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 45

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 45

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

1

5

10

15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

20

25

30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

35

40

45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

50

55

60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

65

70

75

80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

85

90

95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

100

105

110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115

120

125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser

130

135

140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala

145

150

155

160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu

165

170

175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg

180

185

190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly

405	410	415
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser		
420	425	430
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly		
435	440	445
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu		
450	455	460
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala		
465	470	475
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp		
485	490	495
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu		
500	505	510
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser		
515	520	525

<210> 46

<211> 17752

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit 3

Promotor-Terminator- Expressionskassetten

inseriert mit Physcomitrella Elongase + Desaturase

+ Phaeodactylum Desaturase

<220>

<221> CDS

<222> (11543)..(12415)

<220>

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<220>

<221> CDS

<222> (15791)..(17200)

<400> 46

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcc 120

tagtgggagg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcaccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattg aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgccct ggacctgttg aacgaggctg 420

gcgtagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggt ggggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcattccatg 660

ccggcacgcg accgggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgcgcagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg tttttcggcc ggggacgcgc tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgacagcga tgccggcgag cgcggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tcggggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900

ccggtccgga cgcagcgctc gagcaggagc tcgccgtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagcccg ctagggcttt ttcattgccct gccctagcgt 1140
ccaagcctca cgcccgcgct cggcctctct ggccgacctt tggcgctctt ccgcttcctc 1200
gtcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctactcaaa 1260
ggcggtaata cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
agggcagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgtttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccc tggaagctcc ctctgctgct ctctgttcc 1500
gacctgccc cttaccgat acctgtccg ctttctccct tcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgctgcata acctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccatcctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaagg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgca ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggtaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcctc aatggcgacc 2040
tgggccgctt ggccggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcggt 2100
tcggtgatgc cactatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160

gcaaggtcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgacttttt tagccgctaa 2220
aacggccggg gggcgcggt gattgccaag cacgtcccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgagg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgccggc gttgtggata 2460
cctcgcgga aacttgcccc tcaactgacag atgaggggag gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcacc gccgcggcgt tgacagatga gggcagggc cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga gggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattg acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgccggtt ttcggccacc gctaacctgt cttttaacct gcttttaaac caatatttat 2880
aaaccttgtt ttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctgaaccc tccggcccg ctaacgcggg cctcccatcc cccagggggc 3000
tgccccctc ggccgcgaac ggcctcacc caaaaatggc agcgtggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcagggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gggcctggg tggcgccctg cccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcattg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttatāccgag 3360

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcattggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatggt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat ttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcagggtta tgccgctcaa ttogctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag cccactggt cgtccatttc cgcgcagacg atgacgtcac 4080
tgccccgctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgcca taatgcgggc tggtgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgtaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata gcgctgatgt ccggcggtgc ttttgccgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca ccataattg 4440
tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctggt ttctggtatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560

cttggtataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaattggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctctttc actccatcga catatcggat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctgggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTTg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatatTTTa 5400
ctggatgaat tgTTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgTTTTgg ctctcaggcc gaggccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcagg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggTcaaTc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgaagga gggTgaatga atcgacgTt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760

cgacgcgggg ttttccgccg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttccagt ccgtcggctc gatgggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgccccgc ccatcgggcg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctgcaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttggtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgctc agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttgggc acctggaatc ggtgtcgtc ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgac gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgccgac 6660
ggccccgacg atgttcgact atttcagctc gcaccgggag ccgtaccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcggattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggatcaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960

tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcgggtc tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccg gtatgctgct gcgggcgttg ccggcggtt tattgctcgt gatgatcgtc 7380
cgacagattc caacgggaat ctggtggatg cgcattctca tcctcggcgc acttaatt 7440
tcgctattct ggagcttggt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggcgg ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggc gtgttcatt ctgcgcctc gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctgggggct atttgcggaa ctgcgggcgt ggcgtgttg 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctg cagcgggcct ggccggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccg gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcgcccgga ggacttctgc tcgttccagt agctttagt 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcggc 7860
ctgatcggag cgggtttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ccttactggg ctttctcagc ccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcgggtg agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtcaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gcttctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160

cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgagag ggagatgata 8220

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgagaga 8280

tcatccgtgt ttcaaaccgc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccga ctgatgggct 8400

gcctgtatcg agtgggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460

tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgag 8520

gacgttttta atgtactggg gtgggttttc ttttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580

tgcccttcac cgcttgccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgccca 8640

gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggtc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700

agaatagccc gagatagggt tgagtgtgt tccagtttg aacaagagtc cactattaaa 8760

gaacgtggac tccaacgtca aagggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gccactacg 8820

tgaaccatca cccaaatcaa gttttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcggaa 8880

ccctaaaggg agccccgat ttagagcttg acggggaaag cggcggaacg tggcgagaaa 8940

ggaagggaag aaagcgaaag gagcggggcg cattcaggct gcgcaactgt tgggaagggc 9000

gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060

gattaagttg ggtaacgcca gggttttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120

aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatttt attgataaaa taacaagtca 9180

ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatatt 9240

tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300

tgtgtaatac ataaattgat gatatagcta gcttagctca tggggggatc cgtcgaagct 9360

agcttgggtc cgcctcagaa gaactcgtca agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagtct 9480
tcagcaatat cacgggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgac gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatgggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgcgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tccttccccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctgctcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaa gaaccgggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcca gtcatagccg aatagcctct ccaccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg aggggaattt atggaacgtc 10260
agtgagcat tttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgacctagg cgacttttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgac ttgatccct 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

ctaccagag ggcgccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
 gtctagctat cgccatgtaa gccactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcggt 10680
 ttcccttgtc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
 actggctttc tacgtgttcc gcttccttta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcgcca 10800
 gcgtgaagct tgcattgctg caggctgacg gcgcgcgag ctctcgagc aaatttacac 10860
 attgccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
 tttgatttgc gataaatttt tatatttggg actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
 tttgccaaca cttagcaatt tgcaagtga ttaattgatt ctaaattatt tttgtcttct 11040
 aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
 attaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
 ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
 tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280
 taccacacac aagttttgag gtgcatgcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatat 11340
 tggaaatgat ttgcatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
 aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtagtctat ataatgagga 11460
 ttttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cagattata atttcttcat 11520
 agccagccca ccgcggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu
 1 5 10
 ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620
 Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe
 15 20 25

ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt	11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val	
30 35 40	
gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att	11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile	
45 50 55	
gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc	11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg	
60 65 70	
gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg	11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu	
75 80 85 90	
ttc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag	11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln	
95 100 105	
gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa	11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys	
110 115 120	
cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac	11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr	
125 130 135	
gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg	12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg	
140 145 150	
caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att	12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile	
155 160 165 170	
tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct	12100
Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser	
175 180 185	

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctctgcttt 12435
Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaa cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccggt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaat t acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa 12735

tttataacac cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795

gattctaaat tatttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaatatt 12855

tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgga 12915

gatttaattg ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975

ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035

agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095

cctgtggaaa gtttaaaaat attttggaaa tgatttgcatt ggaagccatg tgtaaaacca 13155

tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215

tgcatgtagt ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctactaagt 13275

tttacacgat tataatttct tcatagccag cggatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330

Met Val Phe Ala Gly Gly

295

gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378

Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile

300

305

310

gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426

Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr

315

320

325

gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474

Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr

330

335

340

345

agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522

Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala

350

355

360

gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala

365

370

375

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag	13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys	
380 385 390	
tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat	13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp	
395 400 405	
tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg	13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala	
410 415 420 425	
gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac	13762
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp	
430 435 440	
ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att	13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile	
445 450 455	
ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca	13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro	
460 465 470	
gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag	13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu	
475 480 485	
caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg	13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr	
490 495 500 505	
aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag	14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys	
510 515 520	
act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc	14050
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe	
525 530 535	

caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt 14098
 Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe
 540 545 550

gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc 14146
 Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala
 555 560 565

gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat 14194
 Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His
 570 575 580 585

cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa 14242
 His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu
 590 595 600

gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc 14290
 Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala
 605 610 615

aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg 14338
 Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu
 620 625 630

ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg 14386
 Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp
 635 640 645

agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg 14434
 Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu
 650 655 660 665

ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca 14482
 Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr
 670 675 680

gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg 14530
 Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val
 685 690 695

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578
 Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser
 700 705 710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626
 His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala
 715 720 725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674
 Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp
 730 735 740 745

ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722
 Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 750 755 760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770
 Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe
 765 770 775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818
 Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly
 780 785 790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866
 Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala
 795 800 805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtta accctgcttt aatgagatat 14920
 Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 810 815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg tgtagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040

accggttact atcgatatttt tatgaataat attctccggt caatttactg attgtccgtc 15100

gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttggtt ttgttttact 15160

atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa tttttatatt tgggtactaaa tttataaacac 15220
 cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt gattctaaat 15280
 tttttttgtc ttctaaatac atatactaata caactggaaa tgtaaatatt tgctaataatt 15340
 tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aagggttgga gatttaattg 15400
 ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460
 ggtaccacac aagatttgag gtgcatgaac gtcacgtgga caaaagggtt agtaattttt 15520
 caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580
 gtttaaaaat attttggaat tgatttgcat ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640
 ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatgtagt 15700
 ctatataatg aggattttgc aatactttca ttcatacaca ctcactaagt tttacacgat 15760
 tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu
 820 825
 cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862
 Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile
 830 835 840
 tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910
 Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu
 845 850 855
 gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958
 Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro
 860 865 870
 ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006
 Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln
 875 880 885

tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg	16054
Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met	
890 895 900 905	
aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat	16102
Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp	
910 915 920	
acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga	16150
Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg	
925 930 935	
cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc	16198
Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys	
940 945 950	
tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga	16246
Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly	
955 960 965	
acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att	16294
Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile	
970 975 980 985	
ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt	16342
Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg	
990 995 1000	
ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt	16390
Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly	
1005 1010 1015	
tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct tac acc	16438
Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr	
1020 1025 1030	
aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc	16486
Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu	
1035 1040 1045	

gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc 17014
Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser
1210 1215 1220 1225

agc gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc 17062
Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala
1230 1235 1240

aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac ttt 17110
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe
1245 1250 1255

ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg 17158
Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp
1260 1265 1270

cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cgg gcg taa 17200
Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala
1275 1280 1285

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 17260

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 17320

tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggtt cattctaataa aatatatcac ccgttactat 17380

cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgagctcggc 17440

gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctcccttcaac gttgcgggttc 17500

tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgtcc cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact 17560

cccttaattc tccgctcatg atcagattgt cgtttccgc cttcagttta aactatcagt 17620

gtttgacagg atatattggc gggtaaacct aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg 17680

gatattttaa agggcgtgaa aagggtttatc cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca 17740

cagggttccc ca 17752

<210> 47

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 47

Met	Glu	Val	Val	Glu	Arg	Phe	Tyr	Gly	Glu	Leu	Asp	Gly	Lys	Val	Ser
1				5					10					15	

Gln	Gly	Val	Asn	Ala	Leu	Leu	Gly	Ser	Phe	Gly	Val	Glu	Leu	Thr	Asp
			20					25						30	

Thr	Pro	Thr	Thr	Lys	Gly	Leu	Pro	Leu	Val	Asp	Ser	Pro	Thr	Pro	Ile
			35				40						45		

Val	Leu	Gly	Val	Ser	Val	Tyr	Leu	Thr	Ile	Val	Ile	Gly	Gly	Leu	Leu
		50					55					60			

Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro	Arg	Ala	Ser	Glu	Pro	Phe	Leu
65						70					75				80

Leu	Gln	Ala	Leu	Val	Leu	Val	His	Asn	Leu	Phe	Cys	Phe	Ala	Leu	Ser
				85					90						95

Leu	Tyr	Met	Cys	Val	Gly	Ile	Ala	Tyr	Gln	Ala	Ile	Thr	Trp	Arg	Tyr
				100					105					110	

Ser	Leu	Trp	Gly	Asn	Ala	Tyr	Asn	Pro	Lys	His	Lys	Glu	Met	Ala	Ile
				115				120				125			

Leu	Val	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Tyr	Val	Glu	Phe	Met	Asp	Thr
						130		135				140			

Val	Ile	Met	Ile	Leu	Lys	Arg	Ser	Thr	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His
145						150				155				160	

Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Ser	Leu	Ile	Trp	Trp	Ala	Ile	Ala	His
						165				170				175	

201

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 48

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
35 40 45

202

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
 50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
 65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
 85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
 100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
 115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
 130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
 145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
 165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
 180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
 195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
 210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
 225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
 245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly

260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
 485 490 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
 500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 515 520 525

<210> 49

<211> 469

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 49

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
 20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
 35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
 50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
 85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
 100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
 115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
325 330 335

<210> 51

<211> 265

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 51

ccaccgcgggt gggcgccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgctttaatg agatatgcga 60
gacgcctatg atcgcatgat atttgctttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120
agcatgtgta gtcagatcc ttaccgccgg ttccggttca ttctaataa tatatcacc 180
gttactatcg tatttttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240
aattcgagct cggcgccga agctt 265

<210> 52

<211> 257

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 52

ggatccgata tcgggccgc tagcgtaac cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60
tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120
tagctcagat ccttaccgcc ggtttcggtt cattctaataa aatatacac ccgttactat 180
cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240
ctcggcgccg caagctt 257

<210> 53

<211> 257

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 53

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 60

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacggt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ccttaccgcc gggttcgggt cattctaata aatatatcac ccgttactat 180

cgtattttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240

ctcggcgcgc caagctt

257

This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning Operations and is not part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ✓ BLACK BORDERS
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT OR DRAWING
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- GRAY SCALE DOCUMENTS
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- REFERENCE (S) OR EXHIBIT (S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image problem Mailbox.